

Santo Antônio de Goiás, GO / Outubro, 2025

Uso de RNAi para o manejo da mosca-branca (*Bemisia tabaci*)

OBJETIVOS DE
DESENVOLVIMENTO
SUSTENTÁVEL



**Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Arroz e Feijão
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento**

ISSN 1516-7518 / e-ISSN 1678-9644

Documentos 327

Outubro, 2025

Uso de RNAi para o manejo da mosca-branca (*Bemisia tabaci*)

*Patrícia Valle Pinheiro
Matheus da Costa Moura
Amanda Lopes Ferreira
Erich Yukio Tempel Nakasu
Nátaly Duarte Lopes da Costa
Francisco José Lima Aragão*

**Embrapa Arroz e Feijão
Santo Antônio de Goiás, GO
2025**

Embrapa Arroz e Feijão
Rod. GO 462, Km 12, Zona Rural
Caixa Postal 179
75375-000 Santo Antônio de Goiás, GO
www.embrapa.br/arroz-e-feijao
www.embrapa.br/fale-conosco/sac

Comitê Local de Publicações

Presidente

Isaac Leandro de Almeida

Secretária-executiva

Riquelma de Sousa de Jesus

Membros

Fabiano Severino

Luis Fernando Stone

Pedro Marques da Silveira

Tereza Cristina de Oliveira Borba

Pricila Vetrano Rizzo

Edição executiva

Tereza Cristina de Oliveira Borba

Revisão de texto

Pedro Marques da Silveira

Normalização bibliográfica

Riquelma de Sousa de Jesus (CRB-2/349)

Projeto gráfico

Leandro Sousa Fazio

Diagramação

Fabiano Severino

Foto da capa

Sebastião José de Araújo

Publicação digital: PDF

Todos os direitos reservados

A reprodução não autorizada desta publicação, no todo ou em parte,
constitui violação dos direitos autorais (Lei nº 9.610).

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)

Embrapa Arroz e Feijão

Pinheiro, Patrícia Valle.

Uso de RNAi para o manejo da mosca-branca (*Bemisia tabaci*) / Patrícia Valle Pinheiro, Matheus da Costa Moura, Amanda Lopes Ferreira, Erich Yukio Tempel Nakasu, Nátaly Duarte Lopes da Costa, Francisco José Lima Aragão. – Santo Antônio de Goiás : Embrapa Arroz e Feijão, 2025.

PDF (33 p.) : il. - (Documentos / Embrapa Arroz e Feijão, e-ISSN 1678-9644 ; 327)

1. Mosca-branca – Manejo. 2. RNA interferente. 3. *Bemisia tabaci*. I. Moura, Matheus da Costa. II. Ferreira, Amanda Lopes. III. Nakasu, Erich Yukio Tempel. IV. Costa, Nátaly Duarte Lopes da. V. Aragão, Francisco José Lima. VI. Título. VII. Série.

CDD (21. ed.) 632.752

Riquelma de Sousa de Jesus (CRB-2/349)

© 2025 Embrapa

Autores

Patrícia Valle Pinheiro

Engenheira-agrônoma, Ph.D. em Entomologia, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

Matheus da Costa Moura

Biólogo, estudante de doutorado na Universidade de Brasília, bolsista na Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

Amanda Lopes Ferreira

Engenheira-agrônoma, estudante de doutorado na Universidade Federal de Goiás, bolsista na Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

Erich Yukio Tempel Nakasu

Biólogo, Ph.D. em biologia, analista da Embrapa Hortaliças Samambaia Sul, DF

Nátaly Duarte Lopes da Costa

Engenheira-agrônoma, estudante de doutorado na Universidade Federal de Goiás, bolsista na Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

Francisco José Lima Aragão

Engenheiro-agrônomo, doutor em Ciências Biológicas, pesquisador da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

Apresentação

Estratégias eficientes e ambientalmente mais saudáveis para o controle de pragas são fundamentais para a agricultura. Entre os insetos causadores de danos, a mosca-branca (*Bemisia tabaci*) está entre os mais importantes. É um inseto polígrafo que causa enormes danos em diversas culturas, incluindo o feijão, soja, algodão e tomate, sugando nutrientes do floema e transmitindo vírus. A mosca-branca é particularmente difícil de controlar e o uso de produtos químicos continua sendo uma prática comum, o que causa o desenvolvimento de resistência a inseticidas. Assim, há considerável interesse na introdução de resistência à mosca-branca por meio do melhoramento clássico e molecular. A aplicação de tecnologias envolvendo RNA interferente

(RNAi) tem se mostrado uma possibilidade de controle dos insetos, tanto com a geração de plantas geneticamente modificadas, quanto na aplicação tópica de pequenos RNAs (sRNA). No entanto, há ainda vários desafios a serem superados, tais como encontrar genes alvos para sRNAs nos insetos e melhorar os sistemas de aplicação e entrega dessas moléculas.

Essa publicação objetiva apresentar a tecnologia e discutir seu uso e limitações na agricultura. São apresentados conceitos e estratégias para o silenciamento gênico em mosca-branca mediado por pequenos RNA. É um assunto muito relevante, que deve chamar a atenção de estudantes e pesquisadores de diversas áreas.

Elcio Perpetuo Guimarães
Chefe-Geral da Embrapa Arroz e Feijão

Sumário

Introdução	9
Material e Métodos	10
O que é RNAi	10
Desafios do uso de RNAi para o manejo da mosca-branca	12
Genes alvo utilizados até o momento e outros potenciais	15
Expressão do dsRNA <i>in planta</i>	18
Conclusões sobre potencial de uso	22
Próximos passos dos estudos realizados pela Embrapa	22
Referências	23

Introdução

O manejo de pragas é um dos maiores desafios da agricultura em países tropicais. Dentre as principais pragas dos cultivos agrícolas estão os insetos da ordem Hemiptera, que compreende espécies de hábito sugador, a maioria herbívoras. Esses insetos causam danos diretos à produção agrícola pela sucção da seiva e redução do vigor das plantas, e danos indiretos pela deposição de honeydew, que favorece o crescimento de fungos prejudiciais, além da transmissão de patógenos.

A mosca-branca (*Bemisia tabaci* Gennadius) é um complexo de espécies morfologicamente indistinguíveis pertencente à família Aleyrodidae e superfamília Aleyrodoidea (Barro et al., 2000; Triplehorn; Johnson, 2005). Globalmente prevalentes e polípagos, esses insetos causam consideráveis perdas às lavouras, tanto diretamente, por meio da alimentação, quanto indiretamente, pela transmissão de vírus (Grover et al., 2018). Espécies desse gênero alimentam-se de mais de 600 espécies de plantas hospedeiras (Markham et al., 1994). *B. tabaci* é considerada uma das 100 pragas invasoras mais importantes do mundo (Global Invasive Species Database, 2015, Lowe et al, 2025), alimentando-se de uma ampla gama de culturas, como feijão-comum, tomate, algodão, soja entre outras.

Devido à sua ampla variedade de hospedeiros, comportamento de dispersão, alta fecundidade, competência na transmissão de vírus e rápido desenvolvimento de resistência a inseticidas, a mosca-branca ganhou o status de praga-chave dentre as espécies de insetos sugadores (Kavalieratos et al., 2024). O manejo dessa praga tem sido uma tarefa desafiadora para os agricultores do mundo todo. O controle químico ainda é o método predominantemente empregado. Dependendo da região e época de plantio, são necessárias muitas aplicações de inseticidas; na cultura do feijão, esse número pode chegar a 15 por safra (Souza et al., 2016). No entanto, o uso excessivo de inseticidas pode causar contaminação ambiental, afetando a fauna e a saúde humana. Além disso, o uso repetido dos mesmos princípios ativos frequentemente leva à seleção de populações de insetos resistentes, reduzindo a

disponibilidade de opções de controle e sua eficácia. O controle químico intensivo apresenta ainda a desvantagem do alto custo associado, podendo representar de 30 a 40% do custo total de produção, como no caso da cultura do algodão, considerando o manejo de pragas da cultura (Oliveira et al., 2013). O manejo racional de agrotóxicos tem sido preconizado como uma tendência mundial. O Brasil é signatário da resolução internacional aprovada pela Assembleia Geral da Organização das Nações Unidas (ONU), a Agenda 2030, que estabelece os Objetivos do Desenvolvimento Sustentável (ODS). O ODS 02 é alcançar a fome zero por meio do desenvolvimento de uma agricultura sustentável, o que não pode ser realizado sem a redução do uso de agrotóxicos. Adicionalmente, o uso indiscriminado de inseticidas de base fóssil pode contribuir para o aumento da pegada de carbono, associada às mudanças climáticas e ao aquecimento global. Por essas razões, a busca por alternativas sustentáveis e eficazes para o manejo de pragas vem se tornando uma prioridade da agricultura moderna.

Nesse contexto, o uso de ferramentas da biotecnologia oferece novas perspectivas para o manejo da mosca-branca. Uma das inovações mais promissoras é a aplicação do RNA interferente (RNAi) como recurso no controle de pragas. O RNAi é um mecanismo biológico fundamental de regulação de expressão gênica que ocorre naturalmente em eucariotos, incluindo insetos. A compreensão desse mecanismo possibilitou o desenvolvimento de processos específicos para silenciar genes essenciais à sobrevivência do inseto, interrompendo seu ciclo de vida e/ou sua capacidade de se alimentar e transmitir patógenos.

Esta publicação tem como objetivo revisar e discutir o potencial do RNA interferente como uma estratégia inovadora no manejo da mosca-branca, destacando seus mecanismos de ação, aplicações recentes, desafios para implementação e perspectiva dos estudos futuros. O RNAi oferece a possibilidade de uma abordagem mais específica, eficaz e ambientalmente compatível para realizar o manejo da mosca-branca, minimizando os efeitos adversos associados ao uso excessivo de agrotóxicos e

proporcionando boas perspectivas para a segurança alimentar global e uma agricultura mais sustentável.

Material e Métodos

Foi realizada revisão de literatura com foco na aplicação do RNA interferente (RNAi) no manejo da mosca-branca, *Bemisia tabaci*. A busca bibliográfica utilizou as plataformas PubMed, Scopus, Web of Science, SciELO e Google Scholar, entre dezembro de 2023 e maio de 2025. Os termos utilizados incluíram: RNA interference, RNAi, dsRNA, hpRNA, *Bemisia tabaci*, whitefly, gene silencing, RNAi delivery in insects, Hemiptera, plant resistance to insects e outros. Foram incluídos todos os artigos relevantes para a discussão do tema, incluindo alguns antigos, devido ao seu caráter pioneiro no desenvolvimento da tecnologia do RNAi. Os estudos selecionados foram organizados tematicamente para permitir a análise crítica dos mecanismos de ação do RNAi, das evidências experimentais disponíveis, dos principais entraves à aplicação da tecnologia, das estratégias de entrega de dsRNA/hpRNA, e das perspectivas futuras da tecnologia no controle de pragas agrícolas.

O que é RNAi

RNA interferente (RNAi) é uma via biológica que ocorre naturalmente em eucariotos, desempenhando um papel crítico na regulação pós-transcricional da expressão gênica e permitindo que suas células controlem quais genes estão ativos e em qual momento. Por ocorrer em plantas, animais e microrganismos, pode ser considerado um processo evolutivo estável (Meister; Tuschl, 2004; Carthew; Sontheimer, 2009; Bronkhorst and Van Rij, 2014; Ibrahim; Aragão, 2015). Esse mecanismo contribui para o controle do metabolismo, crescimento e diferenciação celulares, além de manter a integridade do genoma e combater vírus e elementos genéticos móveis.

O efeito de RNAi foi descrito pela primeira vez em 1990, por cientistas holandeses interessados em aumentar a intensidade da cor violeta das flores de petúnias (Van der Krol et al., 1990). Para isso, eles introduziram cópias do gene que sintetiza a enzima chalcona sintase, responsável pela coloração violeta, gerando assim plantas geneticamente modificadas. No entanto, as petúnias geneticamente modificadas produziram flores menos pigmentadas, variegadas ou totalmente sem pigmentação.

Os pesquisadores descobriram que a abundância de expressão do gene que codifica a enzima gerou uma resposta semelhante à autoimune, em que o organismo reconhece a expressão excessiva e incomum do gene como um ataque de patógeno (Van der Krol et al., 1990). Em animais, o RNAi foi descrito pela primeira vez em 1998 por meio da administração de RNA no nematóide *Caenorhabditis elegans*, um organismo modelo. Nesses estudos, foi observado que a injeção de RNA fita dupla (dsRNA), possuindo sequência homóloga a um gene alvo, resultou em interferência e redução na expressão deste gene (Fire et al., 1998; Saurabh et al., 2014). Anos depois, trabalhando novamente com *C. elegans*, Fire e Mello elucidaram o mecanismo de RNAi e ganharam o prêmio Nobel de Fisiologia ou Medicina, em 2006 (Hopkin, 2006).

Desde então, este mecanismo tem sido explorado como uma importante ferramenta da biologia molecular, possibilitando o estudo da função de genes específicos pela administração do RNA de fita dupla (dsRNA) por via oral ou por injeção (Perrimon et al., 2010). O processo envolve a geração de pequenas moléculas de RNA, de 20 a 30 nucleotídeos, cujas sequências são complementares aos transcritos dos genes que terão a expressão regulada. As três principais classes de pequenos RNA regulatórios conhecidas atualmente são: a via dos microRNAs (miRNAs), responsáveis pela regulação da expressão de genes endógenos, a via dos small interfering RNA (siRNA), acionados para a defesa contra a invasão de patógenos, induzindo respostas a fim de restringir infecções, e a via dos piwi-RNA (piRNA), que atuam no silenciamento de elementos móveis do genoma em células germinativas, conhecidos como transposons. Tanto miRNA quanto siRNA dependem da ação da enzima do tipo endonuclease RNase-III Dicer, que corta longos fragmentos de RNA de fita dupla em pequenos fragmentos. Já a via do piwiRNA é independente desta enzima e produz, portanto, fragmentos de RNA de fita dupla mais longos.

O RNAi é ativado quando a célula detecta a presença de moléculas de RNA de fita dupla (dsRNA). Essa molécula de dsRNA apresenta complementaridade com um gene específico a ser desativado. A partir daí o dsRNA é clivado em pequenas moléculas de RNA, chamadas siRNA. Essas moléculas de RNA são reconhecidas por uma maquinaria celular especializada. Posteriormente, ocorre o silenciamento gênico, em que oRNAi orienta essa maquinaria especializada a se ligar a moléculas de RNA mensageiro (mRNA) que correspondem ao gene alvo.

Na via do miRNA, pequenos fragmentos de RNA endógeno, ou seja, codificados pelo genoma do organismo, são transcritos como um precursor primário (pri-miRNA), contendo estruturas em hairpin com 65-70 nucleotídeos na haste. A estrutura de hairpin é removida pelo complexo Droscha, ainda no núcleo, originando o precursor pre-miRNA. Já no citoplasma, o pre-miRNA é cortado pela Dicer (dsRNA-specific RNase III-type endonuclease), uma endonuclease RNase III, que corta a molécula em pequenos fragmentos de 20 a 25 nucleotídeos produzindo um duplex de miRNA. A fita guia deste complexo é então carregada em uma proteína denominada Argonata, que abre as duas fitas, no processo conhecido em inglês como *slicing* (fatiamento). No entanto, o *slicing* não ocorre em todos os casos, seja pela falta de complementaridade completa dos miRNA à sequência alvo, seja pela ausência de atividade catalítica de algumas enzimas da classe Argonata. O silenciamento gênico ocorre pela supressão da tradução do mRNA alvo ou pela degradação do mRNA, nos casos em que a molécula é deadenilada, ou seja, a cauda poli-A é removida (Bartel, 2004; Meister; Tuschl, 2004; Carthew; Sontheimer, 2009; Bronkhorst; Van Rij, 2014).

Na via do siRNA, moléculas longas de dsRNA exógenos, ou seja, originados do ambiente externo, são

reconhecidas como invasores e cortadas pela enzima DICER, formando siRNA de 21 a 25 nucleotídeos (Jinek; Doudna, 2009) (Figura 1). Após a produção de siRNAs, eles são reorganizados e associados a um complexo multiproteico denominado complexo de silenciamento induzido por RNA (RISC), composto por uma fita do siRNA, enzima DICER e proteínas da família Argonata, que faz a identificação de sequências complementares em um RNA mensageiro (mRNA) por meio do pareamento de bases. A enzima Argonata 2 (AGO2), com atividade RNaseH (Slicer) atua então na sua degradação ou no bloqueio da tradução causando o silenciamento gênico (Carthew; Sontheimer, 2009; Winter et al., 2009; Angaji et al., 2010; Czech et al., 2011).

Já a via dos piwi-RNA ocorre em células germinativas de animais para silenciar transposons. As moléculas de piRNA possuem de 24 a 31 nucleotídeos e são geradas por precursores de RNA de fita simples, de forma independente da ação da enzima Dicer. Os piRNA provocam o *slicing* dos transposons, em um processo mediado pelo complexo de Argonata utilizado nessa via, que inclui proteínas como Piwi, Aubergine e Argonata 3, conforme descrito para a mosca-das-frutas *Drosophila melanogaster* (Qi et al., 2012), considerada um organismo modelo.

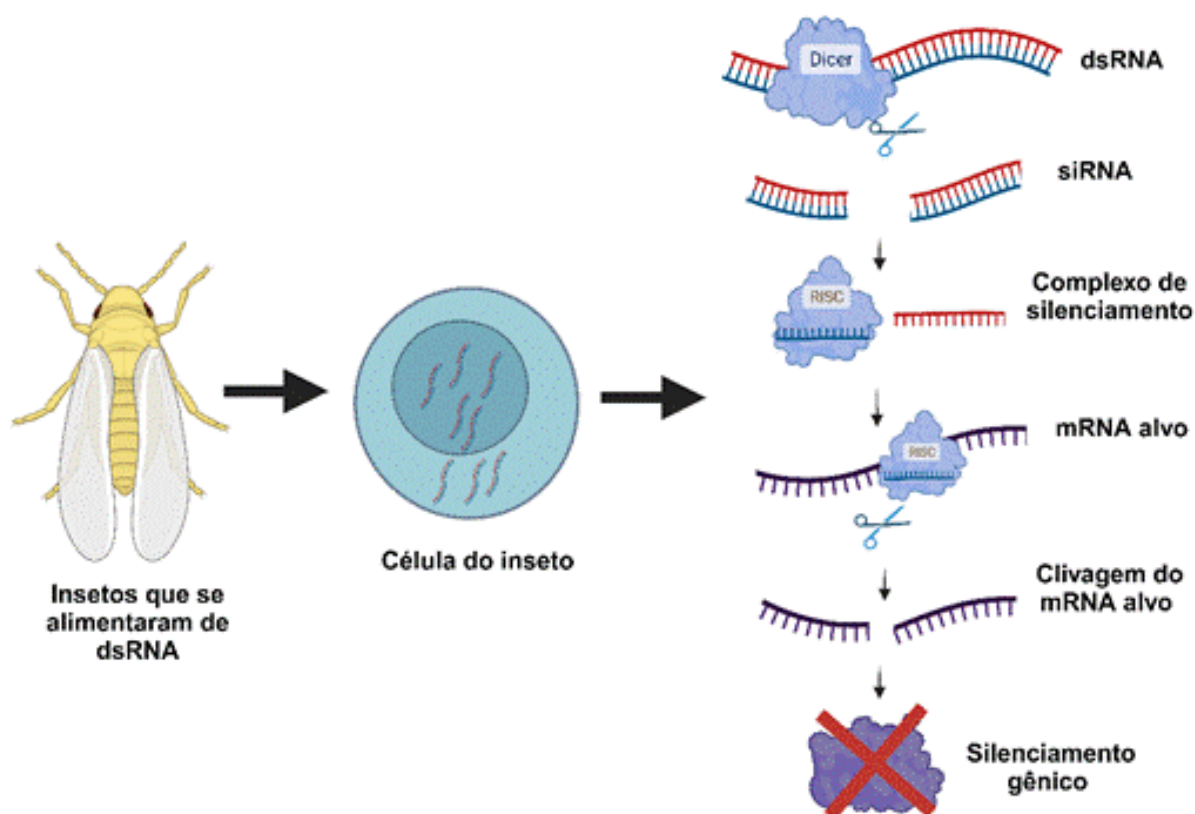


Figura 1. Ilustração sobre o mecanismo de RNAi em insetos. Moura (2024). Criado com BioRender

Desafios do uso de RNAi para o manejo da mosca-branca

O mecanismo de RNAi está presente em insetos, atuando tanto na regulação gênica, quanto na defesa antiviral. Há também diversas evidências de eficiência do silenciamento gênico em insetos por dsRNA exógenos (Joga et al., 2016; Zhu; Palli, 2019; Lu; Shen, 2024). No entanto, a eficiência do silenciamento gênico por dsRNA exógenos varia entre as diferentes ordens e espécies de insetos. Por exemplo, os insetos da ordem Coleoptera são os que apresentam maior susceptibilidade aos dsRNA exógenos (Baum et al., 2007; Bolognesi et al., 2012; Rangasamy; Siegfried, 2012; Joga et al., 2016). Já os insetos da ordem Hemiptera, estão entre os que apresentam menor eficiência de controle por meio do RNAi (Jain et al., 2020). Outros fatores que influenciam nas diferenças de eficiência observadas são: o método de entrega do dsRNA (por ingestão direta em dieta artificial ou pela planta ou por microinjeção) (Asokan et al., 2015; Li et al., 2015; Upadhyay et al., 2016; Wang et al., 2016; Vyas et al., 2017; Yang et al., 2017; Zhang et al., 2017); a natureza da molécula de dsRNA, altamente degradável, o que é influenciado pela presença de ribonucleases e pelo pH fisiológico do inseto (Christiaens et al., 2020); a escolha do gene alvo (Lu & Shen 2024); a presença de supressores virais de RNAi (Haasnoot et al., 2007; Christiaens; Smagghe, 2014); a propagação sistêmica do sinal de dsRNA secundários (Huvenne; Smagghe, 2010; Li et al., 2013); a seleção de populações resistentes de insetos (Tabashnik; Carriere, 2017); a presença dos genes envolvidos nos mecanismos de RNAi, ou seja, de uma maquinaria de RNAi funcional (Chen et al., 2016), entre outros.

Entrada do dsRNA nas células do inseto

O primeiro passo no mecanismo de silenciamento gênico por dsRNA exógeno é a entrada dessas moléculas nas células do inseto, processo ainda pouco elucidado. Até o momento foram descritos dois processos de absorção de dsRNA em insetos: um deles ocorre pela via endocítica e o outro pelos canais transmembrana do tipo Sid-1, descritos inicialmente para o nematóide *C. elegans*, envolvendo os genes Sid-1 e Sid-2 (Winston et al., 2002; Feinberg; Hunter, 2003). Em algumas espécies de insetos, foram identificados genes homólogos ou similares ao Sid-1, como por exemplo em alguns coleópteros, himenópteros e hemípteros (Zha et al., 2011; Miyata et al., 2014; Li et al., 2015; Cappelle

et al., 2016). A expressão de Sid-1 e Sid-2 de *C. elegans* em uma cultura de células do lepidóptero *Bombyx mori* aumentou a absorção de dsRNA (Kobayashi et al., 2012). Foi demonstrado que as proteínas tipo Sid-1 estão envolvidas na absorção de dsRNA em algumas espécies de insetos, como nos coleópteros *Leptinotarsa decemlineata* e *Tribolium castaneum* e na cigarrinha *Nilaparvata lugens* (Tomoyasu et al., 2008; Cappelle et al., 2016; Xu et al., 2013). Já a mosca-das-frutas (*D. melanogaster*) não possui genes homólogos ao Sid-1 (Roignant et al., 2003). Nesta espécie, a absorção de dsRNA é feita pela via endocítica (Ulvila et al., 2006). Apesar de ter sido demonstrado que a mosca-branca possui pelo menos uma cópia do gene similar ao Sid-1, que, por sua vez, apresentou maior similaridade ao gene do pulgão e da abelha *Apis mellifera* (Upadhyay et al., 2013), ainda não foi determinada a via principal de absorção de dsRNA em *B. tabaci*.

Riscos de degradação da molécula de dsRNA

Uma vez dentro da célula, a molécula de dsRNA pode ser degradada, dependendo do pH do lúmen e da presença de ribonucleases no sistema digestivo do inseto (Christiaens; Smagghe, 2014). O pH do intestino dos hemípteros varia entre alcalino e ácido, dependendo da região intestinal (Cristofolletti et al., 2003; Mehrabadi et al., 2009; Cantón; Bonning, 2019). Condições muito alcalinas podem favorecer a degradação das moléculas de RNA.

O manejo da mosca-branca (*B. tabaci*) por RNAi apresenta diversos desafios, incluindo a necessidade de entrega de altas doses de dsRNA ou hpRNA (hairpin RNA, ou RNA em formato de grampo) para os insetos, além da presença de nucleases capazes de degradar dsRNAs (dsRNases) em sua saliva, intestino e hemolinfa. A mosca-branca possui aparelho bucal do tipo sugador, alimentando-se principalmente da seiva elaborada do floema das plantas, o que dificulta a entrega de dsRNA por via oral. A utilização de plantas transgênicas tem se mostrado a estratégia mais promissora para tal, uma vez que o dsRNA pode se acumular no floema, um ambiente com reduzida atividade enzimática de nucleases (Ghosh et al., 2018). Entretanto, para o controle de insetos sugadores, é necessário que o dsRNA ou hpRNA seja não apenas altamente expresso por um promotor constitutivo (Pitino et al., 2011) ou específico às células do floema (Eakteiman et al., 2018), como também seja transportado para a seiva elaborada. Após a ingestão, os dsRNAs ou hpRNAs podem sofrer a

ação de nucleases capazes de degradação dessas moléculas presentes na saliva, intestino e hemo-linfa do inseto (Christiaens et al., 2020). A mosca-branca possui pelo menos três diferentes enzimas com essa atividade, denominadas dsRNases; o silenciamento gênico dessas enzimas aumenta a proteção do dsRNA após a ingestão, evidenciando seu papel na resposta variável da mosca-branca ao RNAi (Luo et al., 2017). Assim, a supressão de dsRNases por RNAi ou por inibidores, em adição ao silenciamento de outros genes, pode melhorar a eficácia da estratégia para o controle do inseto utilizando plantas transgênicas. Similarmente, a estrutura do dsRNA pode ser manipulada visando aumentar sua estabilidade e resistência à degradação por nucleases (Ribeiro et al., 2022).

O hábito alimentar da mosca-branca também representa um desafio para a aplicação exógena de dsRNAs visando o silenciamento gênico. Recentemente pesquisas demonstraram o controle de mosca-branca por meio da aplicação foliar de nanopartículas carreando dsRNA (Jain et al., 2022). As nanopartículas foram capazes de translocar o dsRNA da superfície foliar para o tecido vascular da planta, induzindo mortalidade acentuada de ovos e ninfas de mosca-branca. É possível que o efeito da aplicação tópica seja potencializado com a utilização de dsRNAs contendo bases modificadas, como 2'-F pirimidinas, que aumentam a atividade RNAi após ingestão por mosca-brancas e reduzem sua degradação por nucleases em células de mamíferos (Hunter; Wintermantel, 2021).

Maquinaria funcional de RNAi

Outro fator a ser considerado é a presença de uma maquinaria funcional de RNAi, para que o silenciamento gênico ocorra. A mosca branca possui uma única cópia da maioria dos genes envolvidos nos mecanismos de miRNA, incluindo dicer-1, ago-1, drosha, exportin-5, loquacious e pasha (Chen et al., 2016), bem como genes associados ao mecanismo de siRNA, como dicer-2, R2D2, ago-2 e sid-1 (Upadhyay et al., 2013). O gene ago-2 foi identificado em duplicata no genoma deste inseto, enquanto o gene RdRP (que codifica enzimas capazes de sintetizar RNA usando uma fita de RNA como molde, chamadas de RNA-polimerase-dependente-de-RNA), apresentou 11 cópias (Chen et al., 2016). Além disso, diversos estudos demonstraram o silenciamento de genes na mosca-branca, utilizando dsRNA exógenos (Tabela 1). Foram silenciados genes como vATPase, actina, genes associados com a reprodução ou tolerância ao calor (heat shock

proteins), receptores de ecdisona e outros envolvidos no processo de desenvolvimento e muda do inseto, genes associados com a detoxificação de inseticidas, como P450, ou detoxificação de metabólitos de resposta produzidos pela planta, como a transferase glutationa, e outros genes expressos especificamente no intestino (Ghanim et al., 2007; Lü and Wan, 2011; Asokan et al., 2015; Ibrahim et al., 2017; Ferreira et al., 2022; Pizetta et al., 2022). Apesar de a espécie apresentar todos os elementos necessários para uma maquinaria de silenciamento gênico funcional, incluindo genes associados com a propagação sistêmica da resposta de RNAi, os dados gerados em estudos de silenciamento gênico em mosca-branca demonstram uma grande variabilidade de resposta.

O método de entrega ("delivery") influencia na eficiência do silenciamento, embora não exista um padrão que determine o método mais eficiente. Por exemplo, o método de entrega por dieta artificial parece ser o que causa reduções mais consistentes na expressão do gene alvo, variando de 40 a 80% para estudos realizados com a mosca-branca (Asokan et al., 2015; Li et al., 2015; Upadhyay et al., 2016; Wang et al., 2016; Vyas et al., 2017; Yang et al., 2017; Zhang et al., 2017). Mesmo assim, a variação da eficiência de redução da expressão gênica ainda é grande, possivelmente associada à escolha do gene alvo, da dose administrada e das diferenças no tempo entre a ingestão e a quantificação da expressão gênica. A entrega por microinjeção também resultou em altas taxas de silenciamento, de 65 a 70% em um estudo (Ghanim et al., 2007), embora outro estudo não tenha relatado as mesmas porcentagens (Lü; Wan, 2011). Já os estudos com a entrega do dsRNA por expressão transgênica em plantas, comumente apresentam altas taxas de mortalidade, variando de 60 a 98% (Malik et al., 2016; Raza et al., 2016; Ibrahim et al., 2017; Xia et al., 2021; Ferreira et al., 2022; Pizetta et al., 2022). Em geral, a transformação genética de plantas visando silenciar genes no inseto praga tem o objetivo de reduzir drasticamente a sobrevivência da população de insetos, o que pode ter contribuído para a ausência de publicações com resultados menos expressivos. Há ainda dois estudos que utilizaram o método de absorção do dsRNA aplicado em folhas destacadas das plantas, posteriormente ingeridas pela mosca-branca. Estes estudos relataram redução da expressão dos genes alvo de 41 a 90%, sendo mais eficiente em formas jovens (ninfas de quarto instar) do que em insetos adultos (Grover et al., 2018).

Propagação sistêmica do sinal de RNAi

Outro desafio do uso de RNAi para o silenciamento gênico em insetos é que ainda não está totalmente esclarecido se esse mecanismo é propagado de forma sistêmica em insetos. A propagação sistêmica se refere ao processo em que, após a entrada do dsRNA nas células do organismo, o sinal, ou siRNA, é transportado entre células e tecidos do organismo, causando o silenciamento do gene alvo em outros tecidos ou órgãos. Para o manejo de pragas, visando a mortalidade da população de insetos, a propagação sistêmica é importante, pois o silenciamento gênico apenas no local de aplicação ou aquisição dos dsRNA exógenos (de forma localizada) pode ser ineficiente ou insuficiente. Espécies de insetos em que não há a propagação sistêmica do sinal de RNAi são consideradas recalcitrantes para o silenciamento gênico por dsRNA exógeno, sendo obtidas taxas de silenciamento gênico de aproximadamente 60% e, muitas vezes, apenas de forma temporária (Huvenne; Smagghe, 2010; Li et al., 2013). Em nematóides, a propagação sistêmica do RNAi envolve os canais Sid-1 e Sid-2 (Winston et al., 2007). O gene sid-1 codifica uma proteína responsável pelo transporte de dsRNA da membrana plasmática até o citoplasma das células, permitindo que as moléculas de RNAi sejam transportadas das células intestinais para outras células vizinhas, atingindo assim outras partes do corpo do nematoídeo. Já o gene sid-2 expressa uma proteína que atua como um receptor de moléculas de dsRNA do ambiente, no lúmen do intestino, iniciando o processo de silenciamento gênico sistêmico. Esse sistema é uma parte importante da capacidade dos nematoídeos de se defenderem contra patógenos e regular sua própria biologia.

Genes similares ao sid-1 de *C. elegans* (sid-1-like) foram identificados em algumas espécies de insetos, incluindo a mosca-branca (Upadhyay et al., 2013). Entretanto, sid-1-like não foi identificado em *D. melanogaster*, inseto em que não ocorre a propagação sistêmica de RNAi (Roignant et al., 2003). Assim, considerou-se que a ausência de sid-1 está associada a deficiência na propagação do sinal. No entanto, foi demonstrado que o gene sid-1 não é necessário para a propagação sistêmica de RNAi no gafanhoto *Locusta migratória* (Luo et al., 2012). Dessa forma, esses dados indicam que os mecanismos de propagação de sinal de RNAi em insetos ainda não foram completamente elucidados. Adicionalmente, ainda não há relatos da presença de genes homólogos ou similares ao sid-2 nos genomas dos insetos sequenciados até o momento.

Outro fator determinante para a propagação do sinal sistêmico de RNAi é a presença de um mecanismo de amplificação do sinal. Em *C. elegans*, a enzima RdRP, que sintetiza RNA, gera moléculas secundárias de siRNAs, ampliando e prolongando a duração do sinal de RNAi. Genes homólogos do RdRp de *C. elegans* não foram identificados em insetos até o momento, mas há relatos de genes similares. Em *B. tabaci*, foram identificadas 11 cópias de genes similares ao RdRp e muitas delas mais semelhantes às de vírus do que de outros insetos (Chen et al., 2016). Mesmo que genes homólogos ao RdRp não sejam identificados em insetos, não se pode descartar a possibilidade de que outras vias sejam responsáveis pela síntese de siRNAs secundários, ou seja, essa amplificação pode ser realizada por outros mecanismos, ainda não identificados ou descritos (Joga et al., 2016). Além disso, foi demonstrado que mesmo para organismos que expressam RdRp, como nematóides e ácaros, a injeção de dsRNA exógenos não resultou em amplificação eficiente do sinal de RNAi (Khila and Grbić, 2007; Dalzell et al., 2011), ou seja, o gene RdRp não é o único responsável pela eficiência da propagação sistêmica do RNAi.

Interações com vírus afetando a eficiência do mecanismo de RNAi

A presença de vírus na hemolinfa dos insetos também pode prejudicar a eficiência do silenciamento gênico mediado por dsRNAs exógenos. A via de siRNA representa um importante sistema de defesa antiviral em muitas plantas e animais, o que implica que os vírus têm a capacidade de afetar a disponibilidade dos componentes dessa via e, em alguns casos, sobrecarregá-la completamente (Kannasty et al., 2012). Por exemplo, o pulgão *Myzus persicae* transmite diversos vírus de plantas, tanto de modo persistente quanto não persistente. Foi demonstrado que a aquisição do polerovírus Potato leafroll virus (PLRV), um vírus de planta transmitido de modo persistente por este pulgão, alterou a resposta antiviral do inseto ao vírus entomopatogênico *Myzus persicae* densovirus (Hemiambidensovirus hemipteran2, MpDNV) (Pinheiro et al., 2019). Nos insetos que adquiriram PLRV, observou-se um perfil diferente de siRNAs, com abundância de fragmentos maiores do que o esperado. Além disso, a carga viral de MpDNV aumentou nos insetos que adquiriram PLRV, indicando que a presença deste vírus prejudicou a capacidade de resposta antiviral do inseto pelo mecanismo de RNAi (Pinheiro et al., 2019). Este efeito não foi observado quando o inseto

adquiriu outro vírus de planta, transmitido de modo não persistente (Potato virus Y PVY).

No caso da mosca-branca, esse pode ser um fator importante em relação à eficiência do silenciamento gênico por RNAi, uma vez que este inseto é considerado um super vetor de vírus de plantas. Além disso, devido à coevolução dos vírus com os sistemas de defesa antiviral, como o RNAi, alguns vírus desenvolveram mecanismos adaptativos que inibem a ação do RNAi, predominantemente por meio da produção de proteínas conhecidas como supressoras virais do silenciamento de RNA (VSRs) (Haasnoot et al., 2007; Christiaens; Smagghe, 2014).

Genes alvo utilizados até o momento e outros potenciais

Diversos estudos foram realizados para o silenciamento de genes utilizando o RNAi em hemípteros, com predomínio de pesquisas envolvendo pulgões de diferentes espécies. Há, comparativamente, menos estudos realizados com a mosca-branca, como exemplificado na Tabela 1. Isso ocorre

possivelmente porque os pulgões são insetos mais fáceis de se manipular, devido ao tamanho, aproximadamente cinco vezes maior do que *B. tabaci*, dependendo da espécie de pulgão, o que torna a manipulação da mosca-branca muito mais desafiadora, uma vez que a coleta de insetos adultos deve ser realizada com o cuidado de não danificar o aparelho bucal, extremamente delicado. Além disso, em geral, os experimentos com pulgões são realizados com insetos ápteros, diferentemente dos adultos da mosca-branca, que voam e se locomovem rapidamente. Na Embrapa, foi desenvolvida uma metodologia para avaliar a mortalidade de adultos de mosca-branca em que as plantas teste são expostas aos insetos para oviposição por cerca de 2 horas (Figura 2) (Ferreira et al., 2022; Pizetta et al., 2022). Em seguida, os insetos adultos são cuidadosamente removidos e as plantas isoladas em gaiolas durante todo o período de desenvolvimento dos ovos até a fase adulta. Após a emergência, os insetos adultos começam a se alimentar nas plantas e então a mortalidade de adultos é avaliada durante um período de cinco a sete dias. Essa metodologia reduz a manipulação dos insetos adultos, minimizando a mortalidade nos controles por efeitos aleatórios.

Tabela 1. Exemplos de genes alvo avaliados para o silenciamento por RNAi em mosca branca.

Gene alvo	Função do gene	Método de entrega	Referência
vATPase	Manutenção de pH ácido para bom funcionamento dos processos metabólicos	Transgenia	Ibrahim et al. (2017), Pizetta et al. (2022) e Ferreira et al. (2022)
BtPMT1	Detoxificação de glicosídeos fenólicos	Transgenia	Xia et al. (2021)
TLR7	Receptor do sistema imune inato	Dieta artificial	Chen et al. (2015) e Zhang et al. (2017)
Aquaporin	Regulação do equilíbrio hídrico e excreção de resíduos	Expressão em planta	Raza et al. (2016) e Vyas et al. (2017)
Hsp70, Hsp90 e Hsp23	Codifica uma proteína essencial para proteger outras proteínas e manter a integridade celular em condições de estresse térmico e ambiental.	Dieta artificial	Shim et al. (2015), Vyas et al. (2017) e Lü e Wan (2011)
Acetylcholine receptor subunit α	Codifica uma subunidade dos receptores de acetilcolina	Dieta artificial	Vyas et al. (2017)
Alpha glucosidase 1	Codifica uma enzima envolvida na quebra de carboidratos complexos em açúcares simples.	Dieta artificial	Vyas et al. (2017)
Trehalase1	Codifica uma enzima envolvida na quebra da trealose, um dissacarídeo, em glicose.	Dieta artificial	Vyas et al. (2017) e Ramasamy et al. (2023)

Continua...

Tabela 1. Continuação.

Gene alvo	Função do gene	Método de entrega	Referência
Trehalose transporter1	Codifica uma proteína transportadora que facilita a captação de trealose, um açúcar de reserva, pelas células.	Dieta artificial	Vyas et al. (2017) e Ramasamy et al. (2023)
Actina	Codifica proteína fundamental para a estrutura do citoesqueleto celular, permitindo funções como contração muscular e movimento celular.	Dieta artificial	Upadhyay et al. (2011)
ADP/ATP translocase	Está relacionado a uma proteína transportadora que facilita a troca de moléculas de ATP por ADP nas mitocôndrias.	Dieta artificial	Upadhyay et al. (2011)
α -tubulina	É uma subunidade estrutural das proteínas tubulinas, formando os microtúbulos do citoesqueleto.	Dieta artificial	Upadhyay et al. (2011) e Ramasamy et al. (2023)
Proteína Ribossomal L9 (RPL9)	É uma subunidade do ribossomo.	Dieta artificial	Upadhyay et al. (2011)
Subunidade A da Vacuolar-ATPase	A Subunidade A que faz parte de uma enzima importante na acidificação das vesículas celulares.	Dieta artificial	Upadhyay et al. (2011)
P450 CYP6CM1	Desintoxicação e resistência de neonicotinóide.	Dieta artificial	Li et al. (2015)
Glutathione S-transferase (GST)	Codifica enzima responsável pela detoxificação de substâncias tóxicas, ligando-as à glutathione para posterior excreção.	Dieta artificial	Asokan et al. (2015)
Receptor da vitelogenina (BtA1VgR)	Codifica proteína responsável pela captação da vitelogenina em óvulos e ovários de insetos.	Dieta artificial	Upadhyay et al. (2016)
Receptor de ecdisona (EcR)	Codifica proteína que desempenha um papel fundamental na resposta a hormônios, incluindo a ecdisona, que controla a muda e o desenvolvimento em insetos.	Dieta artificial	Ramasamy et al. (2023)
Sacarase	Codifica enzima que catalisa a quebra da sacarose em glicose e frutose.	Dieta artificial	Ramasamy et al. (2023)
TOR	Codifica proteína quinase que desempenha papel na regulação do crescimento celular, metabolismo e resposta a estímulos externos.	Dieta artificial	Puri & Jindal, 2021
Acetylcholinesterase (AChE)	Auxilia na transmissão de impulsos nervosos	VIGS	Malik et al., 2016
Dnmt1	Manutenção da metilação do DNA	Dieta artificial	Cunningham et al., 2024
β -Actina (ACT)	Codifica beta-actina, componente do citoesqueleto.	Transgenia	Dong et al., 2024
BtSC5DL	Importante para biossíntese do colesterol	VIGS	Liu et al., 2025
BtOrco	Atua na percepção olfativa, reprodução e comportamento social.	Transgenia	Li et al., 2024
UGT352A3	resistência a neonicotinoides	Dieta artificial	Du et al., 2025
BtPGRP	Eficiência na transmissão de chilli leaf curl virus (ChLCV)	Dieta artificial	Singh et al., 2025

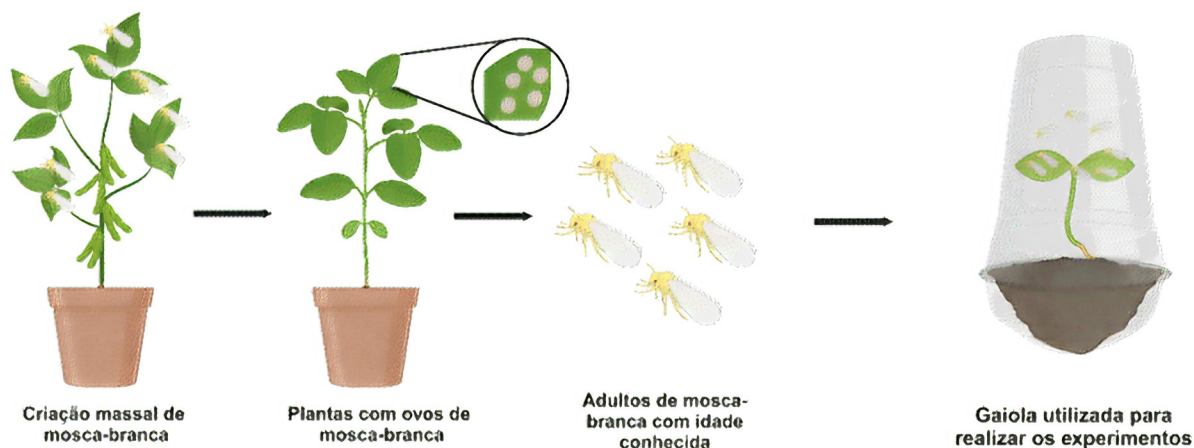


Figura 2. Criação massal de mosca-branca para utilização em experimentos conduzidos pela Embrapa. Moura (2024). Criado com BioRender.

Apesar de terem sido realizados, comparativamente, menos estudos com a mosca-branca, uma variedade de genes alvo para silenciamento foi testada (Tabela 1), tendo sido obtidos resultados promissores. Isso indica que o mecanismo do RNAi tem potencial para desenvolvimento de produtos para o manejo da mosca-branca, incluindo tanto culturas transgênicas quanto bioinsumos. Nas seções seguintes discutimos os diferentes métodos de entrega de dsRNA e o potencial de uso da tecnologia para o manejo da mosca-branca.

Estudos aplicando dsRNA por microinjeção em insetos ou ingestão de dsRNA

Diversas abordagens têm sido usadas para administrar o RNA interferente (RNAi) em insetos, de forma independente da expressão na planta, como: microinjeções em ovos; imersão de ovos com solução de dsRNA (Wang et al., 2018); microinjeções em regiões específicas do organismo (Yokoi et al., 2013); imersão de células com solução contendo dsRNA (Lu et al., 2020); transfecção de células seguida por imersão em solução de dsRNA (Johnson et al., 2010); pulverização de solução de dsRNA na planta (Chakraborty; Ghosh, 2022, Qiao et al., 2023); ou por meio de ingestão direta, como por exemplo, pela adição de dsRNA sintetizado *in vitro* à dieta (Lü et al., 2021). Pode ser realizada também a adição de bactérias expressando as sequências de dsRNA às dietas artificiais dos insetos (Tian et al., 2009) e injeção de dsRNA na planta (Ghosh et al., 2018). A administração de dsRNA sintetizado *in vitro* pode ser otimizada pelo processo de nanoencapsulamento das moléculas de dsRNA sintético (Xue et al., 2022).

Entre todos estes métodos, destacam-se a microinjeção diretamente no corpo do inseto, com uso de microinjetores, e a ingestão de dieta artificial, como soluções açucaradas ou alimentos específicos. A microinjeção permite um controle mais preciso sobre a quantidade e a localização de entrega do dsRNA, apesar de ser um método trabalhoso e difícil de ser realizado com insetos pequenos, como a mosca-branca. No método por ingestão, o dsRNA é incorporado à dieta, que é posteriormente consumida pelos insetos. Assim que o dsRNA é absorvido pelo trato digestivo, inicia-se o processo de silenciamento do gene alvo dentro do organismo do inseto. Todos esses métodos representam ferramentas para avaliar o silenciamento gênico como prova de conceito, não sendo, obviamente, aplicáveis em larga escala ou diretamente no campo. Para mosca-branca, até o momento, foram reportados apenas experimentos utilizando ingestão em dieta artificial e microinjeção de dsRNA.

Dietas artificiais têm sido utilizadas para administração de dsRNA à mosca-branca, em diversos estudos, com uso de uma câmara de alimentação formada por duas membranas de parafilme em uma das aberturas de um tubo do tipo falcon (Figura 3). As dietas contendo diferentes concentrações de dsRNAs são colocadas entre as membranas (em um sanduíche), em uma das extremidades do tubo, enquanto a outra extremidade é coberta com tecido de voil, para aeração. Por exemplo, dietas à base de sacarose contendo dsRNA específico para o gene *hsp70*, variando de 0 a 250 ng/μL, foram oferecidas aos insetos adultos em câmara de alimentação por três dias. Neste estudo, observou-se que a mosca-branca tratada com dsRNA de *hsp70* apresentou maior suscetibilidade ao estresse térmico, o que

reduziu significativamente sua sobrevivência quando exposta a altas temperaturas, mas não a baixas temperaturas (Shim et al., 2015). Isso indica que o gene *hsp70*, associado à resistência ao estresse térmico de calor, foi silenciado nos insetos. Resultados semelhantes foram observados em outro estudo, que explorou o silenciamento dos genes *hsp23*, *hsp70* e *hsp90* (Lü; Wan, 2011).

A entrega de dsRNA por ingestão em dieta artificial se mostrou eficaz em diversos outros trabalhos, que reportaram mortalidade significativa da mosca-branca, associada ao silenciamento do gene alvo (Asokan et al., 2015; Upadhyay et al., 2011, 2016; Vyas et al., 2017; Puri and Jindal, 2021; Ramasamy et al., 2023). Nestes estudos, fatores como concentração do dsRNA, o tempo de ingestão e os genes alvo variaram, o que possivelmente contribuiu para a obtenção de diferentes taxas de mortalidade, entre 35 e 90%. Por exemplo, entre os trabalhos analisados nesta revisão, foram administradas por via oral concentrações de dsRNA variando de 5 a 300 µg/ml. Em outro estudo, a aplicação de uma concentração reduzida de 0,05 µg/mL de dsRNA direcionado ao gene *dnmt1* demonstrou eficácia na redução da reprodução, diminuindo significativamente no número de ovos depositados, bem como na proporção de ovos viáveis (Cunningham et al., 2024). Outra variação importante foi o tempo de exposição dos insetos à dieta contendo dsRNA, que variou de 48 horas a sete dias. Em um dos estudos, foi demonstrado que a ingestão de dsRNAs resultou na diminuição da expressão do gene alvo em apenas três horas após

início da exposição dos insetos à dieta contendo dsRNA (Lü; Wan, 2011).

Em um experimento conduzido em ambiente que simulava condições de campo, dsRNAs específicos para o gene *hsp70*, foram aplicados topicamente em plantas de pimenta, dentro de uma estrutura coberta, imitando a aplicação de um inseticida. Após 24 horas da aplicação dos dsRNAs, 100 adultos de *B. tabaci* foram liberados em cada planta tratada. Os resultados mostraram uma significativa mortalidade de aproximadamente 68% dos insetos adultos expostos a esse tratamento. Esses resultados indicam que a aplicação de dsRNA específico pode ser uma abordagem promissora para o controle da população de *B. tabaci* em condições de campo (Chakraborty; Ghosh, 2022).

Até onde se tem conhecimento, apenas um estudo foi conduzido utilizando microinjeção para entrega do dsRNA aos insetos. Adultos de mosca-branca recém-emergidos foram anestesiados e injetados com 0,1 a 0,5 µg[1] de dsRNA em um tampão de injeção, entre o mesotórax e o metatórax, utilizando técnicas de microinjeção e micromanipulação. Esse procedimento resultou em uma redução de até 70% na expressão de genes específicos no intestino médio e nas glândulas salivares (Ghanim et al., 2007).

Expressão do dsRNA in planta

Uma das formas de entrega mais eficientes do dsRNA ao inseto é sua expressão diretamente pela planta hospedeira, utilizando a maquinaria da planta.

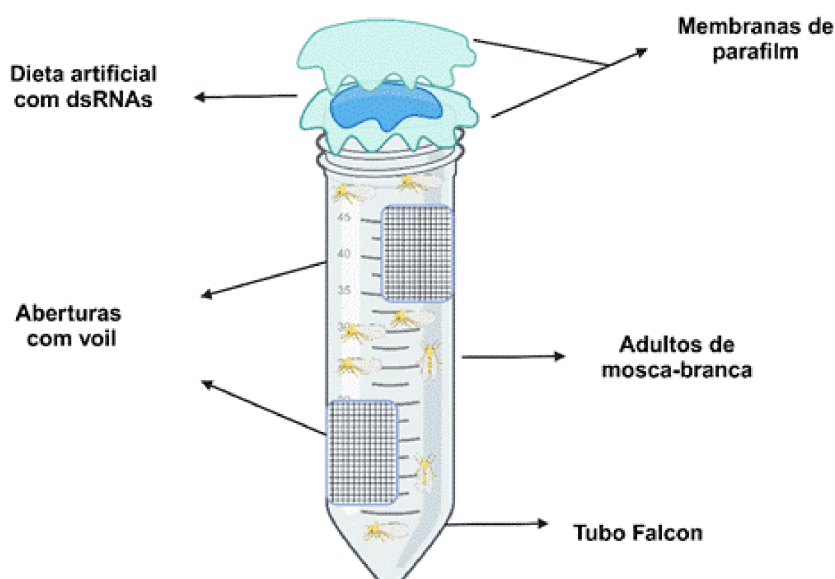


Figura 3. Câmara de alimentação utilizada para entrega de dsRNA em dieta artificial para adultos de mosca branca. Moura (2024). Criado com BioRender

Há dois tipos de métodos de expressão na planta: por transformação genética estável, com a integração do fragmento alvo no genoma da planta, ou por expressão transiente, em que o vetor de construção é inserido na planta, mas não é integrado no seu genoma. Na transformação estável, a planta é geneticamente modificada (GM) para expressar de forma contínua os fragmentos de RNA alvo, ou seja, o transgene é transmitido para a progênie, sendo assim desenvolvida uma linhagem transgênica. Na expressão transiente, a construção genética contendo o fragmento alvo, sob o controle de um promotor de expressão gênica, é inserida na planta por inoculação ou injeção, mas não se integra ao genoma e é “perdida” após um curto período, não sendo transmitida para a progênie.

Ambos os métodos podem ser eficazes para o silenciamento do gene alvo, porém são utilizados com diferentes objetivos: enquanto a transformação estável é voltada para o desenvolvimento de uma nova cultivar, a transformação transiente é um método mais rápido, utilizado para pesquisa, visando ao estudo da função de genes ou à seleção de genes alvo para o desenvolvimento posterior de uma planta geneticamente transformada de forma estável. A transformação genética estável é mais trabalhosa e apresenta uma taxa menor de obtenção de transformantes, especialmente para espécies de plantas recalcitrantes à regeneração *in vitro*, como o feijão-comum, por exemplo. Já a expressão transiente permite resultados mais rápidos, uma vez que, em poucos dias após a introdução do material genético, os testes já podem ser realizados. Outra vantagem da transformação transiente é que esta técnica não gera organismos GM, facilitando questões regulatórias e éticas e a versatilidade na aplicação da técnica, que pode ser empregada desde culturas agrícolas até espécies não cultivadas.

Os estudos de expressão transiente na planta têm sido conduzidos utilizando vetores virais para silenciamento, técnica conhecida como Virus Induced Gene Silencing (VIGS). Nesta técnica, vetores virais, ou seja, vetores contendo o material genético de um vírus de planta, são modificados pela inserção de sequências do gene alvo a ser silenciado, de modo que, durante a replicação do vírus, o dsRNA do gene alvo seja transcrito. Para estes estudos, são selecionados vírus que infectam a planta de interesse, causando sintomas leves, que funcionam como marcadores, mas que não causem a morte da planta. Em geral, utiliza-se uma combinação de vírus e linhagem/cultivar suscetível, para receber a inoculação mecânica com o vetor viral, sendo muito utilizados sistemas de vírus e plantas

do gênero *Nicotiana* ssp., como o tabaco. Uma vez inoculado, o material genético do vírus causará uma infecção e a cada ciclo de replicação, expressará a sequência do gene alvo para o silenciamento.

Silenciamento gênico por expressão transiente de dsRNA

A aplicação do silenciamento gênico por expressão transiente em plantas vem sendo amplamente relatada na literatura, mostrando a eficácia dessa técnica como uma importante ferramenta de pesquisa. Nesse contexto, é importante citar exemplos específicos de estudos que ilustram como a transformação transiente desempenha um papel crucial para fornecer informações sobre a interação inseto-planta-patógeno, incluindo a seleção de genes alvo promissores para o controle de insetos mediado por RNAi.

Plantas de tabaco são plantas modelo, frequentemente utilizadas para a transformação transiente, pois apresentam características como facilidade de crescimento, expressão rápida de genes exógenos, baixa produção de compostos secundários, entre outras. Por exemplo, plantas de tabaco inoculadas com plasmídeos derivados do vírus do mosaico-do-tabaco (tobacco rattle virus - TRV), foram utilizadas por diferentes equipes de pesquisa para o silenciamento de genes da mosca-branca, como os genes *ache* (acetilcolinesterase) e *ecr* (receptor de ecdisona) (Malik et al., 2016), genes da biotina e lisina, associados à persistência da simbiose do inseto com os endossimbiontes, entre outros (Ko et al., 2015; Ko; Youn, 2015; Li et al., 2016; Xia et al., 2021; Hu et al., 2022; Wang; Luan, 2023; Feng et al., 2023; Ghosh et al., 2023; Pascual et al., 2023). Além do tabaco, outras espécies vegetais também têm sido utilizadas como hospedeiras para expressão transiente, um exemplo é o uso de plantas de tomate, nas quais foi possível silenciar o gene *btsc5dl*, resultando em uma redução aproximada de 80% na sua expressão; essa modulação levou à diminuição dos níveis de colesterol nos insetos, comprometendo sua capacidade reprodutiva, com redução estimada de cerca de 65% na fecundidade (Liu et al., 2025).

Existem várias maneiras de realizar a transformação transiente das plantas. A primeira delas por agroinfiltração, onde o vetor de expressão é introduzido em bactéria *Agrobacterium tumefaciens* que infectam a planta e transferem o gene de interesse. Uma outra maneira é a biobalística, onde partículas revestidas com o DNA de interesse são disparadas diretamente nas células. Por fim, também é possível realizar a injeção direta de DNA nas células vegetais, utilizando, por exemplo, uma pequena agulha.

A expressão transiente em plantas surge como uma ferramenta promissora para o estudo do controle de insetos. Sua capacidade de induzir mudanças temporárias na expressão de genes permite não apenas a investigação profunda da biologia dos insetos, mas também abre caminhos para estratégias inovadoras de manejo de pragas.

Silenciamento gênico por expressão estável de dsRNA

A aplicação da tecnologia do RNA interferente em plantas transgênicas representa um avanço significativo para o manejo de pragas. Nos últimos anos, foram desenvolvidas plantas capazes de reduzir consideravelmente as populações de diferentes espécies de insetos, de maneira seletiva e eficaz. No entanto, há apenas uma cultivar com resistência a insetos por silenciamento gênico mediado por RNAi disponível comercialmente até o momento (isaaa.org). Trata-se de uma cultivar de milho GM para expressão de dsRNA homólogos ao gene *snf7* da vaquinha *virgifera virgifera* (Head et al., 2017). Como a ordem Coleoptera é a mais suscetível ao silenciamento gênico por RNAi, não surpreende que um inseto dessa ordem tenha sido o primeiro alvo de um produto comercial. Até o momento, não há registro de cultivares comerciais para o manejo da mosca-branca utilizando o mecanismo de RNAi. Apresentaremos a seguir alguns estudos pioneiros no uso dessa ferramenta, com foco no manejo da mosca-branca.

Alguns estudos também fazem uso de plantas modelo por apresentarem características que favorecem a manipulação genética, a regeneração *in vitro* e a análise funcional de genes. Um experimento utilizando *Arabidopsis thaliana* permitiu a investigação funcional do gene *btorco* (co-receptor olfativo) na detecção de compostos voláteis emitidos pela planta hospedeira. O silenciamento da expressão de *btorco* resultou em uma redução significativa na taxa de resposta dos insetos, além de um aumento no tempo de reação em comparação ao grupo controle, indicando uma supressão relevante da sinalização olfativa e, conseqüentemente, do comportamento de localização do hospedeiro em adultos de mosca-branca (Li et al., 2024). Além de *A. thaliana*, no estudo conduzido por Dong et al. (2024), plantas de tabaco foram transformadas geneticamente visando o silenciamento do gene β -actina (ACT), resultando em uma redução aproximada de 50% nos níveis de transcrição do gene-alvo e causando uma mortalidade superior a 60% nos insetos tratados.

Entre esses estudos, destacam-se os conduzidos por equipes da Embrapa, que desenvolveram

linhagens de alface, tomate e feijão geneticamente modificadas com uma construção gênica contendo um fragmento do gene *vATPase* de *B. tabaci*, visando ao silenciamento deste gene no inseto pelo mecanismo de RNAi (Ibrahim et al., 2017; Ferreira et al., 2022; Pizetta et al., 2022). O plasmídeo utilizado para transformação genética contém uma sequência parcial do gene *vatpase*, clonado da própria mosca-branca, para a produção de siRNAs. Este gene foi escolhido por ser vital para a sobrevivência do inseto, ao mesmo tempo, tem baixa similaridade com os genes codificantes para ATPases presentes nas plantas ou mesmo em mamíferos, o que é interessante do ponto de vista de biossegurança.

A ATPase vacuolar H⁺, conhecida também por v-ATPase, é uma enzima conservada que faz parte do grupo de bombas de prótons ativadas por ATP, podendo ser encontrada em membranas intracelulares de células eucarióticas. É responsável por controlar o pH dos compartimentos intracelulares, sendo de grande importância para o transporte ativo nas células, no processamento e transporte de neurotransmissores, e na regulação da entrada de microrganismos como vírus. As v-ATPases são compostas por 14 subunidades de proteínas organizadas em dois complexos: V1, um complexo citoplasmático responsável pela hidrólise de ATP, e V0, que realiza a translocação de H⁺ através da membrana (Beyenbach; Wieczorek, 2006; Forgac, 2007). A limitação da subunidade A do domínio V1, que tem como função a hidrólise de ATP, é letal (Upadhyay et al., 2011).

Na construção gênica, o fragmento de interferência, ou seja, os fragmentos do gene que codifica para ATPase de mosca branca, foram clonados em sense e antisense, intercalados pelo intron do gene da malato sintase de *A. thaliana*, sob o controle do promotor 35S do vírus do mosaico-da-couve-flor (35SCaMV) e com o terminador do gene da nopalina sintase (*nos*). O gene de seleção utilizado nas construções inseridas na alface e no tomate foi o *nptII*, que confere resistência ao antibiótico canamicina. No feijoeiro, o fragmento do gene *atpase* de mosca-branca foi igualmente inserido em orientações sense e antisense, intercalado pelo intron do gene *pdK* de *Flaveria trinervia*, sob o controle do promotor 35S do vírus do mosaico-da-couve-flor (35SCaMV) e pelo terminador do gene da octopina sintase (*ocs*). Para seleção das plantas transformadas com imazapir, foi inserido o gene *Atahas* de *A. thaliana*, sob o controle do seu próprio promotor (Figura 4). As linhagens de alface e tomate foram geneticamente transformadas via *A. tumefaciens*, enquanto, para o feijão, foi utilizada a técnica de bombardeamento de micropartículas.

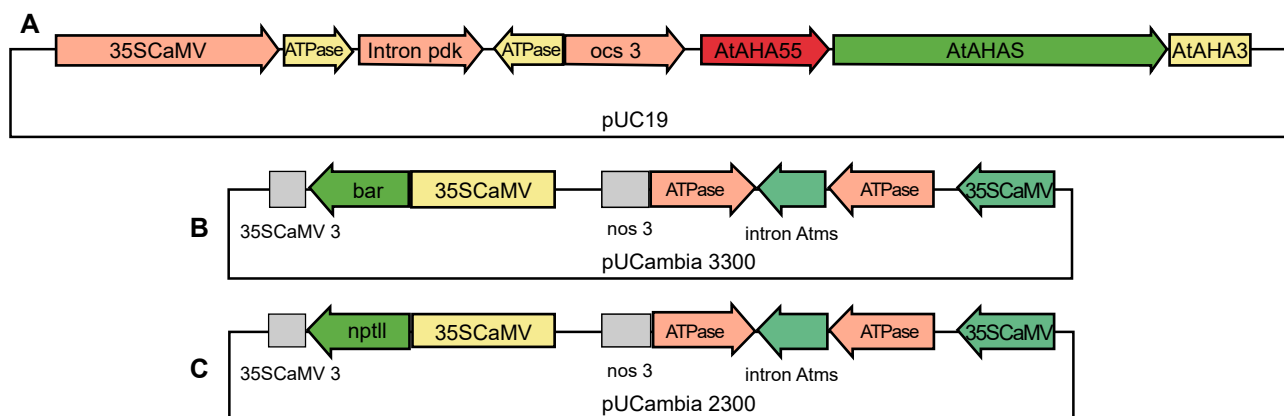


Figura 4. Representação esquemática dos vetores utilizados para transformação de feijão-comum (A), alface (B) e tomate (C) (Ibrahim et al., 2017; Ferreira et al., 2022; Pizetta et al., 2022).

As linhagens de alface causaram taxas de mortalidade de insetos adultos que variaram entre 83% e 98%, além de uma redução de 95 vezes no número de ovos, quando comparado ao controle não transgênico (Ibrahim et al., 2017) (Figuras 5a e 5b). No caso do tomate, observou-se uma taxa de mortalidade de 57%, acompanhada por uma maior mortalidade de ninfas de 2º instar e um leve atraso no desenvolvimento das ninfas de 3º instar nas plantas transgênicas em comparação com as plantas controle (Pizetta et al., 2022) (Figura 5c). A mortalidade de insetos adultos observada na linhagem transgênica de feijão foi semelhante à de tomate, cerca de 59%, em experimentos conduzidos com a planta inteira (Ferreira et al., 2022) (Figura 5d). Em experimentos conduzidos com a folha destacada da planta de feijão GM, observou-se 97% de mortalidade dos adultos, indicando que o ensaio com a folha destacada pode resultar em falsos positivos. Tanto no tomate quanto no feijão, a expressão do gene da vATPase foi reduzida em 50%, em comparação aos insetos que se alimentaram das plantas controle, não transgênicas (Ferreira et al., 2022). Dando sequência a estes estudos, linhagens de algodão e soja, transformadas com a mesma construção gênica, foram obtidas recentemente pela Embrapa para o silenciamento do mesmo gene de *B. tabaci*, vATPase. Estas linhagens estão em fase de avanço de gerações para obtenção de homozigose do transgene ou já em etapa de avaliação quanto ao efeito sobre a mosca-branca.

Outros grupos ao redor do mundo também estão empenhados no desenvolvimento de plantas resistentes à mosca-branca utilizando a tecnologia de RNAi. Uma equipe da Chinese Academy of Agricultural Sciences, em Pequim, na China, obteve recentemente uma linhagem de tomate transgênica que causou mortalidade de quase 100% de adultos de mosca-branca (Xia et al., 2021). O gene alvo foi o *btmat1*, responsável pela codificação da enzima malonil transferase fenólica glicosídica, derivado da planta de tomate e

transferido horizontalmente para o inseto no processo co-evolutivo.

Foram realizados também estudos preliminares para avaliar o efeito destas linhagens transgênicas sobre organismos não-alvo. A linhagem de tomate desenvolvida pela Embrapa foi avaliada em relação ao efeito sobre dois organismos não-alvo, considerados pragas agrícolas, o pulgão *M. persicae* e a lagarta *Tuta absoluta* (Pizetta et al., 2022). Não foram observadas diferenças significativas entre os tratamentos quanto ao número da progênie do pulgão ou à porcentagem de emergência de adultos da *T. absoluta*. Estes resultados são semelhantes ao estudo realizado pela equipe chinesa que desenvolveu linhagens de tomate resistentes à mosca-branca. Estes autores avaliaram o efeito das linhagens transgênicas sobre o pulgão *M. persicae* e o ácaro *Tetranychus urticae*, que também é uma praga do tomate, e não observaram diferenças significativas em relação ao controle não transgênico (Xia et al., 2021). A linhagem de feijão-comum desenvolvida pela Embrapa foi avaliada em relação ao efeito sobre duas espécies de insetos herbívoros, considerados pragas secundárias do feijão, o pulgão *Aphis craccivora* e a larva minadora *Liriomyza* sp., e sobre um inseto predador, o parasitoide de ninfas de mosca branca, *Encarsia formosa*. Não foram observadas diferenças significativas entre os tratamentos para as variáveis avaliadas: número da progênie do pulgão, número de larvas de *Liriomyza* e número de ninfas parasitadas pela *Encarsia* (Ferreira et al., 2022). Novos experimentos serão conduzidos com as linhagens desenvolvidas pela Embrapa, avaliando o possível impacto sobre gerações subsequentes de insetos não-alvo, previamente à liberação comercial destas linhagens. Em conjunto, esses resultados indicam que o uso da tecnologia de RNAi para o silenciamento de genes específicos do inseto alvo em plantas transgênicas tem potencial para contribuir no manejo da mosca-branca, de forma segura para o ambiente.

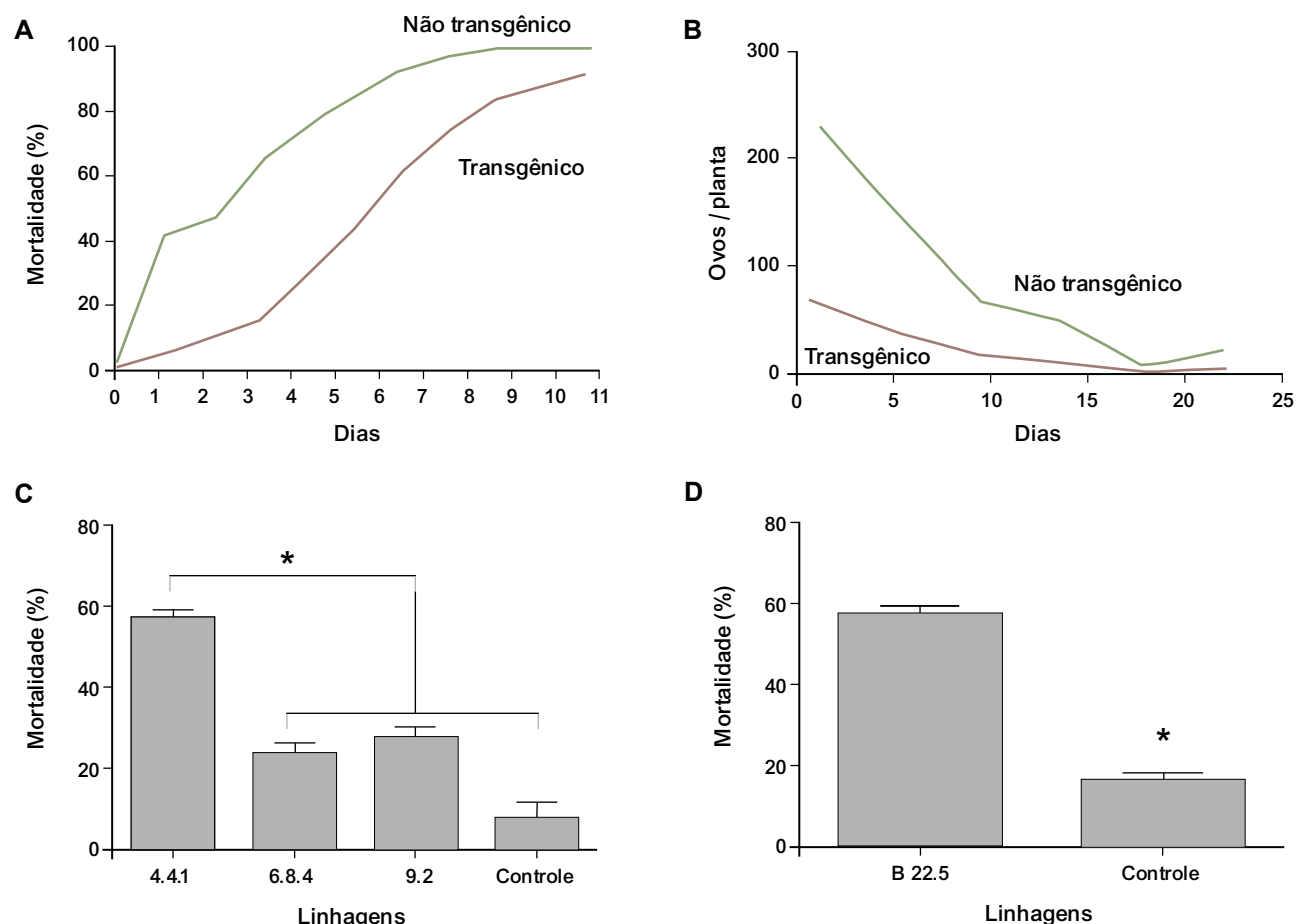


Figura 5. Efeito de linhagens de alface, tomate e feijão-comum geneticamente modificadas para silenciamento do gene vATPase da mosca-branca (*Bemisia tabaci*): mortalidade de insetos adultos em alface GM (a), tomate GM (c) e feijão GM (d) e número de ovos em alface GM (b). Resultados previamente publicados (Ibrahim et al., 2017; Ferreira et al., 2022; Pizetta et al., 2022)

Conclusões sobre potencial de uso

O RNA interferente (RNAi) apresenta grande potencial para o manejo de pragas agrícolas, incluindo a mosca-branca (*B. tabaci*). Esta tecnologia representa uma abordagem promissora para enfrentar os desafios crescentes da agricultura. Com a capacidade de silenciar genes específicos em insetos, o RNAi oferece uma alternativa mais sustentável e precisa aos métodos convencionais de controle de pragas, reduzindo a dependência do uso de agrotóxicos. Diferenças nos níveis de controle das pragas podem ser atribuídas aos diversos fatores relacionados à administração de dsRNA exógenos. Por isso, é importante continuar avançando nas pesquisas para explorar cada vez mais o potencial dessa ferramenta. Fazendo isso, pode-se alinhar o uso de novas tecnologias com uma agricultura mais sustentável, altas produtividades e garantia de segurança alimentar.

Próximos passos dos estudos realizados pela Embrapa

As linhagens de alface, tomate e feijão-comum desenvolvidas pela Embrapa estão em diferentes fases de cruzamento com cultivares elite e avanço de gerações para obtenção de cultivares comerciais. Após obtenção dos materiais genéticos com características comerciais e homozigose para o transgene, novas avaliações serão realizadas em ambiente controlado e, em seguida, em liberações de campo controladas, mediante autorização da CTNBio. Além disso, novos projetos estão em desenvolvimento para a seleção de outros genes alvo para silenciamento no inseto, bem como para utilizar aqueles já validados para o desenvolvimento de cultivares comerciais. É fundamental expandir os estudos para avaliar a interação entre as plantas transgênicas que expressam RNAi e outros organismos benéficos, como polinizadores e predadores naturais, para garantir que a aplicação do RNAi seja sustentável e não prejudique

o equilíbrio ecológico dos agroecossistemas. Paralelamente, é necessário desenvolver estratégias que facilitem a aceitação regulatória e a adoção comercial dessas cultivares, o que envolve o estabelecimento de diretrizes claras de biossegurança e divulgação de informações corretas para a sociedade.

Referências

- ANGAJI, S. A.; HEDAYATI, S. S.; POOR, R. H.; POOR, S. S.; SHIRAVI, S.; MADANI, S. Application of RNA interference in plants. *Plants Omics Journal*, v. 3, n. 3, p. 77-84, 2010. Disponível em: https://www.pomics.com/angaji_3_3_2010_77_84.pdf. Acesso em: 25 ago. 2025.
- ASOKAN, R.; REBIJITH, K. B.; ROOPA, H. K.; KUMAR, N. K. K. Non-invasive delivery of dsGST is lethal to the sweet potato whitefly, *Bemisia tabaci* (G.) (Hemiptera: Aleyrodidae). *Applied Biochemistry and Biotechnology*, n. 175, p. 2288-2299, 2015. DOI: <https://doi.org/10.1007/s12010-014-1437-6>.
- BARRO, P. J. de; DRIVER, F.; TRUEMAN, J. W. H.; CURRAN, J. Phylogenetic relationships of world populations of *Bemisia tabaci* (Gennadius) using ribosomal ITS1. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, v. 16, n. 1, p. 29-36, July 2000. DOI: <https://doi.org/10.1006/mpev.1999.0768>.
- BARTEL, D. P. MicroRNAs: genomics, biogenesis, mechanism, and function. *Cell*, n. 116, n. 2, p. 281-297, Jan. 2004. DOI: [https://doi.org/10.1016/s0092-8674\(04\)00045-5](https://doi.org/10.1016/s0092-8674(04)00045-5).
- BAUM, J. A.; BOGAERT, T.; CLINTON, W.; HECK, G. R.; FELDMANN, P.; ILAGAN, O.; JOHNSON, S.; PLAETINCK, G.; MUNYIKWA, T.; PLEAU, M.; VAUGHN, T.; ROBERTS, J. Control of coleopteran insect pests through RNA interference. *Nature Biotechnology*, v. 25, p. 1322-1326, Nov. 2007. DOI: <https://doi.org/10.1038/nbt1359>.
- BEYENBACH, K. W.; WIECZOREK, H. The V-type H⁺ ATPase: molecular structure and function, physiological roles and regulation. *Journal Experimental Biology*, v. 209, n. 4, p. 577-589, Feb. 2006. DOI: <https://doi.org/10.1242/jeb.02014>.
- BOLOGNESI, R.; RAMASESHADRI, P.; ANDERSON, J.; BACHMAN, P.; CLINTON, W.; FLANNAGAN, R.; ILAGAN, O.; LAWRENCE, C.; LEVINE, S.; MOAR, W.; MUELLER, G.; TAN, J.; UFFMAN, J.; WIGGINS, E.; HECK, G.; SEGERS, G. Characterizing the mechanism of action of double-stranded RNA activity against Western Corn Rootworm (*Diabrotica virgifera virgifera* LeConte). *PLoS One*, v. 7, n. 10, e47534, Oct. 2012. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0047534>.
- BRONKHORST, A. W.; VAN RIJ, R. P. The long and short of antiviral defense: small RNA-based immunity in insects. *Current Opinion Virology*, v. 7, p. 19-28, Aug. 2014. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.coviro.2014.03.010>.
- CANTÓN, P. E.; BONNING, B. C. Proteases and nucleases across midgut tissues of *Nezara viridula* (Hemiptera: Pentatomidae) display distinct activity profiles that are conserved through life stages. *Journal of Insect Physiology*, v. 119, 103965, Nov./Dec. 2019. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jinsphys.2019.103965>.
- CAPPELLE, K.; OLIVEIRA, C. F. R. de; VAN EYNDE, B.; CHRISTIAENS, O.; SMAGGHE, G. The involvement of clathrin-mediated endocytosis and two Sid-1-like transmembrane proteins in double-stranded RNA uptake in the Colorado potato beetle midgut. *Insect Molecular Biology*, v. 25, n. 3, p. 315-323, June 2016. DOI: <https://doi.org/10.1111/imb.12222>.
- CARTHEW, R. W.; SONTHEIMER, E. J. Origins and mechanisms of miRNAs and siRNAs. *Cell*, v. 136, n. 4, p. 642-655, Feb. 2009. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cell.2009.01.035>.
- CHAKRABORTY, P.; GHOSH, A. Topical spray of dsRNA induces mortality and inhibits chilli leaf curl virus transmission by *Bemisia tabaci* Asia II 1. *Cells*, v. 11, n. 5, 833, 2022. DOI: <https://doi.org/10.3390/cells11050833>.
- CHEN, W.; HASEGAWA, D. K.; KAUR, N.; KLIOT, A.; PINHEIRO, P. V.; LUAN, J.; STENSMYR, M. C.; ZHENG, Y.; LIU, W.; SUN, H.; XU, Y.; LUO, Y.; KRUSE, A.; YANG, X.; KONTSEDALOV, S.; LEBEDEV, G.; FISHER, T. W.; NELSON, D. R.; HUNTER, W. B.; BROWN, J. K.; JANDER, G.; CILIA, M.; DOUGLAS, A. E.; GHANIM, M.; SIMMONS, A. M.; WINTERMANTEL, W. M.; LING, K.-S.; FEI, Z. The draft genome of whitefly *Bemisia tabaci* MEAM1, a global crop pest, provides novel insights into virus transmission, host adaptation, and insecticide resistance. *BMC Biology*, v. 14, n. 110, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1186/s12915-016-0321-y>.
- CHRISTIAENS, O.; SMAGGHE, G. The challenge of RNAi-mediated control of hemipterans. *Current Opinion Insect Science*, v. 6, p. 15-21, Dec. 2014. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cois.2014.09.012>.
- CHRISTIAENS, O.; WHYARD, S.; VÉLEZ, A. M.; SMAGGHE, G. Double-Stranded RNA technology to control insect pests: current status and challenges. *Frontiers in Plant Science*, v. 11, 451, Apr. 2020. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.00451>.
- CRISTOFOLETTI, P. T.; RIBEIRO, A. F.; DERAISON, C.; RAHBÉ, Y.; TERRA, W. R. Midgut adaptation and digestive enzyme distribution in a phloem feeding insect, the pea aphid *Acyrtosiphon pisum*. *Journal of Insect Physiology*, v. 49, n. 1, p. 11-24, Jan. 2003. DOI: [https://doi.org/10.1016/S0022-1910\(02\)00222-6](https://doi.org/10.1016/S0022-1910(02)00222-6).

- CUNNINGHAM, C. B.; SHELBY, E. A.; MCKINNEY, E. C.; SIMMONS, A. M.; MOORE, A. J.; MOORE, P. J. An association between Dnmt1 and Wnt in the production of oocytes in the whitefly *Bemisia tabaci*. *Insect Molecular Biology*, v. 33, n. 5, p. 467–480, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1111/imb.12893>.
- CZECH, M. P.; AOUADI, M.; TESZ, G. J. RNAi-based therapeutic strategies for metabolic disease. *Nature Reviews Endocrinology*, v. 7, p. 473–84, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1038/nrendo.2011.57>.
- DALZELL, J. J.; MCVEIGH, P.; WARNOCK, N. D.; MITREVA, M.; BIRD, D. M.; ABAD, P.; FLEMING, C. C.; DAY, T. A.; MOUSLEY, A.; MARKS, N. J.; MAULE, A. G. RNAi effector diversity in nematodes. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, v. 5, n. 6, e1176, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0001176>.
- DONG, Y.; ZHANG, Q.; MAO, Y.; WU, M.; WANG, Z.; CHANG, L. Control of two insect pests by expression of a mismatch corrected double-stranded RNA in plants. *Plant Biotechnology Journal*, v. 22, n. 7, p. 2010–2019, Mar. 2024. DOI: <https://doi.org/10.1111/pbi.14321>.
- DU, T.; XUE, H.; ZHOU, X.; GUI, L.; BELYAKOVA, N. A.; ZHANG, Y.; YANG, X. The UDP-glycosyltransferase UGT352A3 contributes to the detoxification of thiamethoxam and imidacloprid in resistant whitefly. *Pesticide Biochemistry Physiology*, v. 208, 106321, Mar. 2025. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.pestbp.2025.106321>.2018
- EAKTEIMAN, G.; MOSES-KOCH, R.; MOSHITZKY, P.; MESTRE-RINCON, N.; VASSÃO, D. G.; LUCK, K.; SERTCHOOK, R.; MALKA, O.; MORIN, S. Targeting detoxification genes by phloem-mediated RNAi: a new approach for controlling phloem-feeding insect pests. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, v. 100, p. 10–21, Sept. 2018. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ibmb.2018.05.008>.
- FEINBERG, E. H.; HUNTER, C. P. Transport of dsRNA into cells by the transmembrane protein SID-1. *Science*, v. 301, n. 5639, p. 1545–1547, 2003. DOI: <https://doi.org/10.1126/science.1087117>.
- FENG, H.; CHEN, W.; HUSSAIN, S.; SHAKIR, S.; TZIN, V.; ADEGBAYI, F.; UGINE, T.; FEI, Z.; JANDER, G. Horizontally transferred genes as RNA interference targets for aphid and whitefly control. *Plant Biotechnology Journal*, v. 21, n. 4, p. 754–768, Apr. 2023. DOI: <https://doi.org/10.1111/pbi.13992>.
- FERREIRA, A. L.; FARIA, J. C. de; MOURA, M. da C.; ZAIDEM, A. L. de M.; PIZETTA, C. S. R.; FREITAS, E. de O.; COELHO, G. R. C.; SILVA, J. F. A. e; BARRIGOSI, J. A. F.; HOFFMANN, L. V.; SOUZA, T. L. P. O. de; Aragão, F. J. L.; Pinheiro, P. V. Whitefly-tolerant transgenic common bean (*Phaseolus vulgaris*) line. *Frontiers in Plant Science*, v. 13, 984804, Aug. 2022. DOI: <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.984804>.
- FIRE, A.; XU, S.; MONTGOMERY, M. K.; KOSTAS, S. A.; DRIVER, S. E.; MELLO, C. C. Potent and specific genetic interference by double-stranded RNA in *Caenorhabditis elegans*. *Nature*, v. 391, p. 806–811, Feb. 1998. DOI: <https://doi.org/10.1038/35888>.
- FORGAC, M. Vacuolar ATPases: rotary proton pumps in physiology and pathophysiology. *Nature Reviews Molecular Cell Biology*, v. 8, p. 917–929, Nov. 2007. DOI: <https://doi.org/10.1038/nrm2272>.
- GHANIM, M.; KONTSEDALOV, S.; CZOSNEK, H. Tissue-specific gene silencing by RNA interference in the whitefly *Bemisia tabaci* (Gennadius). *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, v. 37, n. 7, p. 732–738, July 2007. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ibmb.2007.04.006>.
- GHOSH, S. K. B.; HUNTER, W. B.; PARK, A. L.; GUNDERSEN-RINDAL, D. E. Double-stranded RNA oral delivery methods to induce RNA interference in phloem and plant-sap-feeding Hemipteran insects. *Journal of Visualized Experiments*, v. 35, 57390, May, 2018. DOI: <https://doi.org/10.3791/57390>.
- GHOSH, S.; SRINIVASAN, R.; GHANIM, M. A C2H2 zinc finger transcription factor of the whitefly *Bemisia tabaci* interacts with the capsid proteins of begomoviruses and inhibits virus retention. *Insect Molecular Biology*, v. 32, n. 3, p. 240–250, June 2023. DOI: <https://doi.org/10.1111/imb.12827>.
- GLOBAL INVASIVE SPECIES DATABASE (GISD). Species profile *Bemisia tabaci*. 2015. Disponível em: <https://www.iucngisd.org/gisd/species.php?sc=19>. Acesso em: 01 ago. 2025.
- GROVER, S.; JINDAL, V.; BANTA, G.; TANING, C. N. T.; SMAGGHE, G.; CHRISTIAENS, O. Potential of RNA interference in the study and management of the whitefly, *Bemisia tabaci*. *Archives of Insect Biochemistry and Physiology*, v. 100, n. 2, e21522, Feb. 2018. DOI: <https://doi.org/10.1002/arch.21522>.
- HAASNOOT, J.; WESTERHOUT, E. M.; BERKHOUT, B. RNA interference against viruses: strike and counterstrike. *Nature Biotechnology*, v. 25, p. 1435–1443, Dec. 2007. DOI: <https://doi.org/10.1038/nbt1369>.
- HEAD, G. P.; CARROLL, M. W.; EVANS, S. P.; RULE, D. M.; WILLSE, A. R.; CLARK, T. L.; STORER, N. P.; FLANNAGAN, R. D.; SAMUEL, L. W.; MEINKE, L. J. Evaluation of SmartStax and SmartStaxPRO maize against western corn rootworm and northern corn rootworm: efficacy and resistance management. *Pest Management Science*, v. 73, n. 9, p. 1883–1899, Sept. 2017. DOI: <https://doi.org/10.1002/ps.4554>.

- HOPKIN, M. RNAi scoops medical Nobel. *Nature*, 2 Oct. 2006. DOI: <https://doi.org/10.1038/news061002-2>.
- HU, Y.; YANG, Z.; GONG, C.; WU, Q.; WANG, S.; LI, C.; ZHANG, Y.; GUO, Z. Molecular characterization of insulin-like peptide genes and their important roles in *Bemisia tabaci* reproduction. *Entomologia Generalis*, v. 42, n. 6, p. 977–986, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1127/entomologia/2022/1691>.
- HUNTER, W. B.; WINTERMANTEL, W. M. Optimizing Efficient RNAi-Mediated Control of Hemipteran Pests (Psyllids, Leafhoppers, Whitefly): Modified Pyrimidines in dsRNA Triggers. *Plants*, v. 10, n. 9, 1782, Aug. 2021. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants10091782>.
- HUVENNE, H.; SMAGGHE, G. Mechanisms of dsRNA uptake in insects and potential of RNAi for pest control: a review. *Journal of Insect Physiology*, v. 56, n. 3, p. 227–235, Mar. 2010. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.jinsphys.2009.10.004>.
- IBRAHIM, A. B.; ARAGÃO, F. J. L. RNAi-mediated resistance to viruses in genetically engineered plants. *Methods in Molecular Biology*, v. 1287, p. 81–92, Jan. 2015. DOI: https://doi.org/10.1007/978-1-4939-2453-0_5.
- IBRAHIM, A. B.; MONTEIRO, T. R.; CABRAL, G. B.; ARAGÃO, F. J. L. RNAi-mediated resistance to whitefly (*Bemisia tabaci*) in genetically engineered lettuce (*Lactuca sativa*). *Transgenic Research*, v. 26, p. 613–624, 2017b. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11248-017-0035-0>.
- JAIN, R. G.; FLETCHER, S. J.; MANZIE, N.; ROBINSON, K. E.; LI, P.; LU, E.; BROSAN, C. A.; XU, Z. P.; MITTER, N. Foliar application of clay-delivered RNA interference for whitefly control. *Nature Plants*, v. 8, p. 535–548, May 2022. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41477-022-01152-8>.
- JAIN, R. G.; ROBINSON, K. E.; FLETCHER, S. J.; MITTER, N. RNAi-based functional genomics in Hemiptera. *Insects*, v. 11, n. 9, 557, 2020. DOI: <https://doi.org/10.3390/insects11090557>.
- JINEK, M.; DOUDNA, J. A. A three-dimensional view of the molecular machinery of RNA interference. *Nature*, v. 457, p. 405–412, 2009. DOI: <https://doi.org/10.1038/nature07755>.
- JOGA, M. R.; ZOTTI, M. J.; SMAGGHE, G.; CHRISTIAENS, O. RNAi efficiency, systemic properties, and novel delivery methods for pest insect control: what we know so far. *Frontiers in Physiology*, v. 7, 553, Nov. 2016. DOI: <https://doi.org/10.3389/fphys.2016.00553>.
- JOHNSON, J. A.; BITRA, K.; ZHANG, S.; WANG, L.; LYNN, D. E.; STRAND, M. R. The UGA-CiE1 cell line from *Chrysodeixis includens* exhibits characteristics of granulocytes and is permissive to infection by two viruses. *Insect Biochemistry Molecular Biology*, v. 40, n. 5, p. 394–404, May 2010. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ibmb.2010.03.005>.
- KANASTY, R. L.; WHITEHEAD, K. A.; VEGAS, A. J.; ANDERSON, D. G. Action and reaction: the biological response to siRNA and its delivery vehicles. *Molecular Therapy*, v. 20, n. 3, p. 513–524, Mar 2012. DOI: <https://doi.org/10.1038/mt.2011.294>.
- KAVALLIERATOS, N. G.; WAKIL, W.; ELEFTHERIADOU, N.; GHAZANFAR, M. U.; EL-SHAFIE, H.; SIMMONS, A. M.; DIMASE, M.; SMITH, H. A.; CHANDLER, D. Integrated management system of the whitefly *Bemisia tabaci*: a review. *Entomologia Generalis*, v. 44, n. 5, p. 1117–1133, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1127/entomologia/2024/2764>.
- KHILA, A.; GRBIĆ, M. Gene silencing in the spider mite *Tetranychus urticae*: dsRNA and siRNA parental silencing of the Distal-less gene. *Development Genes and Evolution*, v. 217, p. 241–251, Mar. 2007. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00427-007-0132-9>.
- KO, N. Y.; LIM, H. S.; YU, Y.; YOUNG, Y. M. Construction of cDNA library for using Virus-induced Gene Silencing (VIGS) vector with the sweetpotato whitefly, *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae). *Korean Journal of Applied Entomology*, v. 54, n. 2, p. 91–97, 2015. DOI: <https://doi.org/10.5656/KSAE.2015.04.0.004>.
- KO, N.-Y.; YOUNG, Y.-N. Change of population density of tobacco whitefly (*Bemisia tabaci*, Aleyrodidae, Hemiptera) by RNAi. *Korean Journal of Agricultural Science*, v. 42, n. 1, p. 7–13, 2015. DOI: <https://doi.org/10.7744/cnujas.2015.42.1.007>.
- KOBAYASHI, M.; YOSHIOKA, M.; ASAI, S.; NOMURA, H.; KUCHIMURA, K.; MORI, H.; DOKE, N.; YOSHIOKA, H. StCDPK5 confers resistance to late blight pathogen but increases susceptibility to early blight pathogen in potato via reactive oxygen species burst. *New Phytologist*, v. 196, n. 1, p. 223–237, Oct. 2012. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.2012.04226.x>.
- LI, F.; TIAN, J.; DI, Z.; QU, C.; FU, Y.; YANG, S.; LUO, C. Orco mediates olfactory behavior and oviposition in the whitefly *Bemisia tabaci*. *Pestic Biochemistry Physiology*, v. 199, 105773, Feb. 2024. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.pestbp.2024.105773>.
- LI, H.; GUAN, R.; GUO, H.; MIAO, X. New insights into an RNAi approach for plant defence against piercing-sucking and stem-borer insect pests. *Plant, Cell & Environment*, v. 38, n. 11, p. 2277–2285, Nov. 2015. DOI: <https://doi.org/10.1111/pce.12546>.
- LI, J.; ZHU, L.; HULL, J. J.; LIANG, S.; DANIELL, H.; JIN, S.; ZHANG, X. Transcriptome analysis reveals a comprehensive insect resistance response mechanism in cotton to infestation by the phloem feeding insect *Bemisia tabaci* (whitefly). *Plant Biotechnology Journal*,

v. 14, n. 10, p. 1956–1975, Oct. 2016. DOI: <https://doi.org/10.1111/pbi.12554>.

LI, Y.; LU, J.; HAN, Y.; FAN, X.; DING, S.-W. RNA interference functions as an antiviral immunity mechanism in mammals. *Science*, v. 342, n. 6155, p. 231–234, Oct. 2013. DOI: <https://doi.org/10.1126/science.1241911>.

LIU, Y.; GONG, C.; HU, Y.; HAN, H.; TIAN, T.; LUO, Y.; YANG, X.; XIE, W.; WU, Q.; WANG, S.; GUO, Z.; ZHANG, Y. Silencing of the plant-derived horizontally transferred gene BtSC5DL effectively controls *Bemisia tabaci* MED. *Pest Management Science*, v. 81, n. 6, p. 2759–2768, June 2025. DOI: <https://doi.org/10.1002/ps.8638>.

LOWE, S.; BROWNE, M.; BOUDJELAS, S.; DE POORTER, M. 100 of the world's worst invasive alien species a selection from the global invasive species database. Auckland: ISSG, 2000. Disponível em: <https://portals.iucn.org/library/sites/library/files/documents/2000-126.pdf>. Acesso em: 27 ago. 2025.

LU, C.; LI, Z.; CHANG, L.; DONG, Z.; GUO, P.; SHEN, G.; XIA, Q.; ZHAO, P. Efficient delivery of dsRNA and DNA in cultured silkworm cells for gene function analysis using PAMAM Dendrimers System. *Insects*, v. 11, n. 1, 12, 2020. DOI: <https://doi.org/10.3390/insects11010012>.

LU, J.; SHEN, J. Target genes for RNAi in pest control: a comprehensive overview. *Entomologia Generalis*, v. 44, n. 1, p. 95–114, 2024. DOI: <https://doi.org/10.1127/entomologia/2023/2207>.

LÜ, J.; YANG, C.; LIU, Z.; VELEZ, A. M.; GUO, M.; CHEN, S.; QIU, B.; ZHANG, Y.; ZHOU, X.; PAN, H. Dietary RNAi toxicity assay suggests α and γ subunits of HvCOPI as novel molecular targets for *Henosepilachna vigintioctopunctata*, an emerging coccinellid pest. *Journal of Pest Science*, v. 94, p. 1473–1486, Feb. 2021. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10340-021-01350-x>.

LÜ, Z.-C.; WAN, F.-H. Using double-stranded RNA to explore the role of heat shock protein genes in heat tolerance in *Bemisia tabaci* (Gennadius). *Journal of Experimental Biology*, v. 214, n. 5, p. 764–769, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1242/jeb.047415>.

LUO, Y.; CHEN, Q.; LUAN, J.; CHUNG, S. H.; VAN ECK, J.; TURGEON, R.; DOUGLAS, A. E. Towards an understanding of the molecular basis of effective RNAi against a global insect pest, the whitefly *Bemisia tabaci*. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, v. 88, p. 21–29, Sept. 2017. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ibmb.2017.07.005>.

LUO, Y.; WANG, X.; YU, D.; KANG, L. The SID-1 double-stranded RNA transporter is not required for systemic RNAi in the migratory locust. *RNA Biology*, v. 9, n. 5, p. 663–671, 2012. DOI: <https://doi.org/10.4161/rna.19986>.

MALIK, H. J.; RAZA, A.; AMIN, I.; SCHEFFLER, J. A.; SCHEFFLER, B. E.; BROWN, J. K.; MANSOOR, S. RNAi-mediated mortality of the whitefly through transgenic expression of double-stranded RNA homologous to acetylcholinesterase and ecdysone receptor in tobacco plants. *Scientific Reports*, v. 6, 38469, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1038/srep38469>.

MARKHAM, P. G.; BEDFORD, I. D.; LIU, S.; PINNER, M. S. The transmission of geminiviruses by *Bemisia tabaci*. *Pesticide Science*, v. 42, n. 2, p. 123–128, Oct. 1994. DOI: <https://doi.org/10.1002/ps.2780420209>.

MEHRABADI, M.; BANDANI, A. R.; SAADATI, F.; RAVAN, S. Sunn pest, *Eurygaster integriceps* Putton (Hemiptera: Scutelleridae), digestive α -amylase, α -glucosidase and β -glucosidase. *Journal of Asia-Pacific Entomology*, v. 12, n. 2, p. 79–83, June 2009. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.aspen.2009.01.003>.

MEISTER, G.; TUSCHL, T. Mechanisms of gene silencing by double-stranded RNA. *Nature*, v. 431, p. 343–349, Sept. 2004. DOI: <https://doi.org/10.1038/nature02873>.

MIYATA, K.; RAMASESHADRI, P.; ZHANG, Y.; SEGERS, G.; BOLOGNESI, R.; TOMOYASU, Y. Establishing an in vivo assay system to identify components involved in environmental rna interference in the western corn rootworm. *PLoS One*, v. 9, n. 7, e101661, July 2014. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0101661>.

OLIVEIRA, C. M.; AUAD, A. M.; MENDES, S. M.; FRIZZAS, M. R. Economic impact of exotic insect pests in Brazilian agriculture. *Journal of Applied Entomology*, v. 137, n. 1/2, p. 1–15, Feb. 2013. DOI: <https://doi.org/10.1111/jen.12018>.

PASCUAL, S.; RODRÍGUEZ-ÁLVAREZ, C. I.; KALOSHIAN, I.; NOMBELA, G. Hsp90 gene is required for mi-1-mediated resistance of tomato to the whitefly *Bemisia tabaci*. *Plants*, v. 12, n. 3, 641, 2023. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants12030641>.

PERRIMON, N.; NI, J.-Q.; PERKINS, L. In vivo RNAi: today and tomorrow. *Cold Spring Harb Perspectives in Biology*, v. 2, a003640, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1101/cshperspect.a003640>.

PINHEIRO, P. V.; WILSON, J. R.; XU, Y.; ZHENG, Y.; REBELO, A. R.; FATTAH-HOSSEINI, S.; KRUSE, A.; SILVA, R. S. dos; XU, Y.; KRAMER, M.; GIOVANNONI, J.; FEI, Z.; GRAY, S.; HECK, M. Plant viruses transmitted in two different modes produce differing effects on small RNA-mediated processes in their aphid vector. *Phytobiomes Journal*, v. 3, p. 71–81, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1094/PBIOMES-10-18-0045-R>.

PITINO, M.; COLEMAN, A. D.; MAFFEI, M. E.; RIDOUT, C. J.; HOGENHOUT, S. A. Silencing of aphid genes by dsRNA feeding from plants. *PLoS One*, v. 6, n. 10,

e25709, Oct. 2011. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0025709>.

PIZETTA, C. S. R.; RIBEIRO, W. R.; FERREIRA, A. L.; MOURA, M. da C.; BONFIM, K.; PINHEIRO, P. V.; CABRAL, G. B.; ARAGÃO, F. J. L. RNA interference-mediated tolerance to whitefly (*Bemisia tabaci*) in genetically engineered tomato. *Plant Cell Tiss Organ Cult*, v. 148, p. 281–291, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11240-021-02185-1>.

PURI, H.; JINDAL, V. Target of rapamycin (TOR) gene is vital for whitefly survival and reproduction. *Journal of Biosciences*, v. 46, 60, June 2021. DOI: <https://doi.org/10.1007/s12038-021-00168-0>.

QI, N.; ZHANG, L.; QIU, Y.; WANG, Z.; SI, J.; LIU, Y.; XIANG, X.; XIE, J.; QIN, C.-F.; ZHOU, X.; HU, Y. Targeting of Dicer-2 and RNA by a viral RNA silencing suppressor in drosophila cells. *Journal of Virology*, v. 86, n. 10, p. 5763–5773, 2012. DOI: <https://doi.org/10.1128/jvi.07229-11>.

QIAO, L.; NIÑO-SÁNCHEZ, J.; HAMBY, R.; CAPRIOTTI, L.; CHEN, A.; MEZZETTI, B.; JIN, H. Artificial nanovesicles for dsRNA delivery in spray induced gene silencing for crop protection. *Plant Biotechnology Journal*, v. 21, n. 4, p. 854–865, Apr. 2023. DOI: <https://doi.org/10.1111/pbi.14001>.

RAMASAMY, A.; KEPPANANA, R.; KARUPPANNASAMY, A.; NAGARAJA, B. C.; KARAKATTI, P.; SRIVASTAVA, S.; THIRUVENGADAM, V.; KESAVAN, S.; RAMASAMY, G. G.; MUTHUGOUNDER, M.; SAGAR, D.; SUBRAMANIAN, S.; GAMBHIR, S.; JINDAL, V.; RAMASAMY, A. Oral delivery of cognate double stranded RNAs for the effective suppression of key functional genes in Asia-I genetic group of whitefly, *Bemisia tabaci* G. (Hemiptera: Aleyrodidae). SSRN, 2023. Preprint. DOI: <https://doi.org/10.2139/ssrn.4572182>.

RANGASAMY, M.; SIEGFRIED, B. D. Validation of RNA interference in western corn rootworm *Diabrotica virgifera virgifera* LeConte (Coleoptera: Chrysomelidae) adults. *Pest Management Science*, v. 68, n. 4, p. 587–591, Apr. 2012. DOI: <https://doi.org/10.1002/ps.2301>.

RAZA, A.; MALIK, H. J.; SHAFIQ, M.; AMIN, I.; SCHEFFLER, J. A.; SCHEFFLER, B. E.; MANSOOR, S. RNA interference based approach to down regulate osmoregulators of whitefly (*Bemisia tabaci*): potential technology for the control of whitefly. *PLoS One*, v. 11, n. 4, e0153883, Apr. 2016. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0153883>.

RIBEIRO, T. P.; VASQUEZ, D. D. N.; MACEDO, L. L. P.; LOURENÇO-TESSUTTI, I. T.; VALENÇA, D. C.; OLIVEIRA-NETO, O. B.; PAES-DE-MELO, B.; RODRIGUES-SILVA, P. L.; FIRMINO, A. A. P.; BASSO, M. F.; LINS, C. B. J.; NEVES, M. R.; MOURA, S. M.; TRIPODE, B. M. D.; MIRANDA, J. E.; SILVA, M. C.

M.; GROSSI-DE-SA, M. F. Stabilized double-stranded RNA strategy improves cotton resistance to CBW (*Anthonomus grandis*). *International Journal of Molecular Science*, v. 23, n. 22, 13713, 2022. DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms232213713>.

ROIGNANT, J.-Y.; CARRÉ, C.; MUGAT, B.; SZYMCAK, D.; LEPESANT, J.-A.; ANTONIEWSKI, C. Absence of transitive and systemic pathways allows cell-specific and isoform-specific RNAi in *Drosophila*. *RNA*, v. 9, p. 299–308, 2003. DOI: <https://doi.org/10.1261/rna.2154103>.

SAURABH, S.; VIDYARTHI, A.S.; PRASAD, D. RNA interference: concept to reality in crop improvement. *Planta*, v. 239, p. 543–564, Mar. 2014. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00425-013-2019-5>.

SHIM, J.-K.; LEE, G.-S.; LEE, S.; LEE, K.-Y. Oral ingestion of heat shock protein 70 dsRNA is lethal under normal and thermal stress conditions in the sweetpotato whitefly, *Bemisia tabaci*. *Journal of Asia-Pacific Entomology*, v. 18, n. 4, p. 797–800, Dec. 2015. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.aspen.2015.10.004>.

SINGH, A.; RAKESH, V.; IYYAPPAN, Y.; GHOSH, A. Modulation of peptidoglycan recognition protein expression alters begomovirus vectoring efficiency and fitness of *Bemisia tabaci*. *Insect Biochemistry and Molecular Biology*, v. 179, 104276, Apr. 2025. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.ibmb.2025.104276>.

SOUZA, T. L. P. O. de; FARIA, J. C. de; ARAGÃO, F. J. L.; DEL PELOSO, M. J.; FARIA, L. C. de; AGUIAR, M. S. de; WENDLAND, A.; QUINTELA, E. D.; CABRERA DIAZ, J. L.; MAGALDI, M. C. de S.; SOUZA, N. P. de; COSTA, A. G.; TRINDADE, N. L. S. R.; MARANGON, M. A.; MELO, C. L. P. de; HUNGRIA, M.; PEREIRA FILHO, I. A.; WRUCK, F. J.; ALMEIDA, V. M. de; BRAZ, A. J. B. P.; MARTINS, M.; PEREIRA, H. S.; MELO, L. C. BRS FC401 RMD: cultivar de feijão carioca geneticamente modificada com resistência ao mosaico-dourado. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2016. 6 p. (Embrapa Arroz e Feijão. Comunicado técnico, 235). Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/bitstream/doc/1055465/1/CNPAF2016ct235.pdf>. Acesso em: 02 set. 2025

TABASHNIK, B. E.; CARRIÈRE, Y. Surge in insect resistance to transgenic crops and prospects for sustainability. *Nature Biotechnology*, v. 35, p. 926–935, Oct. 2017. DOI: <https://doi.org/10.1038/nbt.3974>.

THAKUR, N.; UPADHYAY, S. K.; VERMA, P. C.; CHANDRASHEKAR, K.; TULI, R.; SINGH, P. K. Enhanced whitefly resistance in transgenic tobacco plants expressing double stranded RNA of v-ATPase A gene. *PLoS One*, v. 9, n. 3, e87235, Mar. 2014. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0087235>.

TIAN, H.; PENG, H.; YAO, Q.; CHEN, H.; XIE, Q.; TANG, B.; ZHANG, W. Developmental Control of a Lepidopteran

- Pest *Spodoptera exigua* by Ingestion of Bacteria Expressing dsRNA of a Non-Midgut Gene. *PLoS One*, v. 4, n. 7, e6225, July 2009. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0006225>.
- TOMOYASU, Y.; MILLER, S. C.; TOMITA, S.; SCHOPPEMEIER, M.; GROSSMANN, D.; BUCHER, G. Exploring systemic RNA interference in insects: a genome-wide survey for RNAi genes in *Tribolium*. *Genome Biology*, v. 9, R10, Jan. 2008. DOI: <https://doi.org/10.1186/gb-2008-9-1-r10>.
- TRIPLEHORN, C. A.; JOHNSON, N. F. Borror and DeLong's introduction to the study of insects. 7. ed. Belmont: Thomson Brooks/Cole, 2005. 864 p.
- ULVILA, J.; PARIKKA, M.; KLEINO, A.; SORMUNEN, R.; EZEKOWITZ, R. A.; KOCKS, C.; RÄMET, M. Double-stranded RNA is internalized by scavenger receptor-mediated endocytosis in *Drosophila* S2 cells. *Journal of Biological Chemistry*, v. 281, n. 20, p. 14370–14375, May 2006. DOI: <https://doi.org/10.1074/jbc.M513868200>.
- UPADHYAY, S. K.; CHANDRASHEKAR, K.; THAKUR, N.; VERMA, P. C.; BORGIO, J. F.; SINGH, P. K.; TULI, R. RNA interference for the control of whiteflies (*Bemisia tabaci*) by oral route. *Journal of Bioscience*, v. 36, p. 153–161, Apr. 2011. DOI: <https://doi.org/10.1007/s12038-011-9009-1>.
- UPADHYAY, S. K.; DIXIT, S.; SHARMA, S.; SINGH, H.; KUMAR, J.; VERMA, P. C.; CHANDRASHEKAR, K. siRNA machinery in whitefly (*Bemisia tabaci*). *PLoS One*, v. 8, n. 12, e83692, Dec. 2013. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0083692>.
- UPADHYAY, S. K.; SINGH, H.; DIXIT, S.; MENDU, V.; VERMA, P. C. Molecular characterization of vitellogenin and vitellogenin receptor of *Bemisia tabaci*. *PLoS One*, v. 11, n. 5, e0155306, May 2016. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0155306>.
- VAN DER KROL, A. R.; MUR, L. A.; BELD, M.; MOL, J. N.; STUITJE, A. R. Flavonoid genes in petunia: addition of a limited number of gene copies may lead to a suppression of gene expression. *The Plant Cell*, v. 2, n. 4, p. 291–299, Apr. 1990. DOI: <https://doi.org/10.1105/tpc.2.4.291>.
- VYAS, M.; RAZA, A.; ALI, M. Y.; ASHRAF, M. A.; MANSOOR, S.; SHAHID, A. A.; BROWN, J. K. Knock down of whitefly gut gene expression and mortality by orally delivered gut gene-specific dsRNAs. *PLoS One*, v. 12, n. 1, e0168921, Jan. 2017. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0168921>.
- WANG, M.; WEIBERG, A.; LIN, F.-M.; THOMMA, B. P. H. J.; HUANG, H.-D.; JIN, H. Bidirectional cross-kingdom RNAi and fungal uptake of external RNAs confer plant protection. *Nature Plants*, v. 2, 16151, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1038/nplants.2016.151>.
- WANG, T.-Y.; LUAN, J.-B. Silencing horizontally transferred genes for the control of the whitefly *Bemisia tabaci*. *Journal of Pest Science*, v. 96, p. 195–208, Mar. 2023. DOI: <https://doi.org/10.1007/s10340-022-01492-6>.
- WANG, W.; WAN, P.; LAI, F.; ZHU, T.; FU, Q. Double-stranded RNA targeting calmodulin reveals a potential target for pest management of *Nilaparvata lugens*. *Pest Management Science*, v. 74, n. 7, p. 1711–1719, July 2018. DOI: <https://doi.org/10.1002/ps.4865>.
- WINSTON, W. M.; MOLODOWITCH, C.; HUNTER, C. P. Systemic RNAi in *C. elegans* requires the putative transmembrane protein SID-1. *Science*, v. 295, n. 5564, p. 2456–2459, Feb. 2002. DOI: <https://doi.org/10.1126/science.1068836>.
- WINSTON, W. M.; SUTHERLIN, M.; WRIGHT, A. J.; FEINBERG, E. H.; HUNTER, C. P. *Caenorhabditis elegans* SID-2 is required for environmental RNA interference. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, v. 104, n. 25, p. 10565–10570, June 2007. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.0611282104>.
- WINTER, J.; JUNG, S.; KELLER, S.; GREGORY, R. I.; DIEDERICH, S. Many roads to maturity: microRNA biogenesis pathways and their regulation. *Nature Cell Biology*, v. 11, p. 228–234, Mar. 2009. DOI: <https://doi.org/10.1038/ncb0309-228>.
- XIA, J.; GUO, Z.; YANG, Z.; HAN, H.; WANG, S.; XU, H.; YANG, X.; YANG, F.; WU, Q.; XIE, W.; ZHOU, X.; DERMAUW, W.; TURLINGS, T. C. J.; ZHANG, Y. Whitefly hijacks a plant detoxification gene that neutralizes plant toxins. *Cell*, v. 184, n. 7, p. 1693–1705, June 2021. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.02.014>.
- XU, H.-J.; CHEN, T.; MA, X.-F.; XUE, J.; PAN, P.-L.; ZHANG, X.-C.; CHENG, J.-A.; ZHANG, C.-X. Genome-wide screening for components of small interfering RNA (siRNA) and micro-RNA (miRNA) pathways in the brown planthopper, *Nilaparvata lugens* (Hemiptera: Delphacidae). *Insect Molecular Biology*, v. 22, n. 6, p. 635–647, Dec. 2013. DOI: <https://doi.org/10.1111/imb.12051>.
- XUE, Q.; SANTOS, E. A. dos; SMAGGHE, G.; ZOTTI, M. J.; TANING, C. N. T. Engineering strategies for insect viruses and microbes for dsRNA production and delivery to insects for targeted gene silencing. *Entomologia Generalis*, v. 43, n. 1, p. 31–53, Mar. 2022. DOI: <https://doi.org/10.1127/entomologia/2022/1767>.
- YANG, T.; FOGARTY, B.; LAFORGE, B.; AZIZ, S.; PHAM, T.; LAI, L.; BAI, S. Delivery of small interfering RNA to inhibit vascular endothelial growth factor in zebrafish using natural brain endothelial cell-secreted exosome nanovesicles for the treatment of brain cancer. *The AAPS Journal*, v. 19, p. 475–486, Nov. 2017. DOI: <https://doi.org/10.1208/s12248-016-0015-y>.

YOKOI, K.; KAMEZAKI, M.; YOSHIDA, T.; TANAKA, T.; MIURA, K. Sensitivity to RNA interference-mediated gene silencing in intact and ligated larvae of the armyworm, *Mythimna separata* (Lepidoptera: Noctuidae). *Applied Entomology and Zoology*, v. 48, p. 431–439, July 2013. DOI: <https://doi.org/10.1007/s13355-013-0201-7>.

ZHA, W.; PENG, X.; CHEN, R.; DU, B.; ZHU, L.; HE, G. Knockdown of midgut genes by dsRNA-transgenic plant-mediated RNA interference in the hemipteran insect *Nilaparvata lugens*. *PLoS One*, v. 6, n. 5, e20504, May 2011. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0020504>.

ZHANG, C. YAN, S.-Q.; SHEN, B.-B.; ALI, S.; WANG, X.-M.; JIN, F.-L.; CUTHBERTSON, A. G. S.; QIU, B.-L. RNAi knock-down of the *Bemisia tabaci* Toll gene (BtToll) increases mortality after challenge with destruxin A. *Molecular Immunology*, v. 88, p. 164–173, Aug. 2017. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.molimm.2017.06.031>.

ZHU, K. Y.; PALLI, S. R. Mechanisms, applications, and challenges of insect RNA interference. *Annual Review of Entomology*, v. 65, p. 293–311, Jan. 2020. DOI: <https://doi.org/10.1146/annurev-ento-011019-025224>.

