



UNIVERSIDADE ESTADUAL DA REGIÃO TOCANTINA DO MARANHÃO
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
CURSO DE ENGENHARIA FLORESTAL – BACHARELADO

FERNANDA LIMA ANDRADE

**ANÁLISE COMPARATIVA DE DNA PELA INTERAÇÃO DE *Bemisia tabaci* Genn.
COM *Glycine max* (L.) Merrill**

Imperatriz – MA
2024

FERNANDA LIMA ANDRADE

**ANÁLISE COMPARATIVA DE DNA PELA INTERAÇÃO DE *Bemisia tabaci* Genn.
COM *Glycine max* (L.) Merrill**

Trabalho de conclusão de curso
apresentado ao Centro de Ciências
Agrárias da Universidade Estadual da
Região Tocantina do Maranhão –
UEMASUL, curso de Engenharia
Florestal.

Orientadora: Prof^a. Dra. Mauricélia
Ferreira Almeida Laranjeiras
Coorientador: Prof. Esp. Jeferson Noslen
Casarin

A554a

Andrade, Fernanda Lima

Análise comparativa de DNA pela interação de Bemisia tabaci Genn. com Glycine max (L.) Merrill. / Fernanda Lima Andrade. – Imperatriz, MA, 2024.

26 f.; il.

Trabalho de Conclusão de Curso (Curso de Engenharia Florestal) – Universidade Estadual da Região Tocantina do Maranhão – UEMASUL, Imperatriz, MA, 2024.

1. Gene BtPMaT1;. 2. Mosca Branca. 3. Soja. 4. Imperatriz - MA. I. Título.

CDU 57:595:633

Ficha elaborada pelo Bibliotecário: **Kacio Micael Oliveira Vidal CRB13/988**


FERNANDA LIMA ANDRADE

**ANÁLISE COMPARATIVA DE DNA PELA INTERAÇÃO DE *Bemisia tabaci* Genn. COM
Glycine max (L.) Merrill**


Trabalho de conclusão de curso apresentado ao Centro de Ciências Agrárias da Universidade Estadual da Região Tocantina do Maranhão – UEMASUL, curso de Engenharia Florestal.

Imperatriz-MA, 16 de Janeiro de 2025


BANCA EXAMINADORA

Documento assinado digitalmente
 **MAURICÉLIA FERREIRA ALMEIDA LARANJEIRAS**
Data: 22/01/2025 14:03:30-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

MAURICÉLIA FERREIRA ALMEIDA LARANJEIRAS
UEMASUL

Documento assinado digitalmente
 **JEFERSON NOSLEN CASARIN**
Data: 23/01/2025 22:06:50-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

JEFERSON NOSLEN CASARIN
CEUMA

Documento assinado digitalmente
 **POTIÁRA OLIVEIRA DINIZ**
Data: 22/01/2025 21:54:46-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

POTIÁRA OLIVEIRA DINIZ
UEMASUL

RESUMO

É importante ressaltar a importância da mosca branca no contexto agrícola, principalmente no Brasil, onde causa grandes prejuízos às lavouras. O estudo investigou a interação entre a *Bemisia tabaci* Genn. e a *Glycine max* (L.) Merrill de forma genômica. A criação das moscas brancas e plantas de soja foi feita no laboratório de entomologia, CCA/Uemasul, seguidas pela coleta de amostras para a extração de DNA realizado no laboratório da universidade Ceuma, com o objetivo de identificar genes semelhantes. As análises foram realizadas com técnicas de PCR e eletroforese para detectar a presença de genes nas amostras de insetos e plantas. Foi confirmado que as moscas brancas possuem o gene BtPMT1, sendo ele de origem vegetal, enquanto as amostras de soja não apresentaram esse gene específico. O gene BtPMT1 foi incorporado ao DNA da mosca branca a partir de outras plantas hospedeiras, e não da soja, reforçando a hipótese de transferência genética entre plantas e insetos. Além disso, propõe-se a necessidade de novas coletas e estudos para identificar a origem exata desse gene e avaliar suas implicações no manejo de pragas agrícolas. Destaca-se que a pesquisa confirma a capacidade da mosca branca de se adaptar às defesas vegetais, sugerindo a importância de novas estratégias para o controle dessa praga. O estudo também ressalta a relevância de investigar outras espécies vegetais e realizar mais coletas nas regiões da cidade de Imperatriz-MA, onde as primeiras amostras foram coletadas, para ampliar o conhecimento sobre essas interações biológicas.

Palavras-chave: gene BtPMT1; Mosca Branca; Soja.

ABSTRACT

It is important to emphasize the importance of the whitefly in the agricultural context, especially in Brazil, where it causes great damage to crops. The study investigated the interaction between *Bemisia tabaci* Genn. and *Glycine max* (L.) Merrill genomically. The whiteflies and soybean plants were reared in the entomology laboratory, CCA/Uemasul, followed by the collection of samples for DNA extraction at the Ceuma University laboratory, with the aim of identifying similar genes. The analyses were carried out using PCR and electrophoresis techniques to detect the presence of genes in the insect and plant samples. It was confirmed that the whiteflies have the BtPMT1 gene, which is of plant origin, while the soy samples did not have this specific gene. The BtPMT1 gene was incorporated into the whitefly's DNA from other host plants, and not from soybeans, reinforcing the hypothesis of genetic transfer between plants and insects. In addition, further collections and studies are needed to identify the exact origin of this gene and assess its implications for agricultural pest management. The research confirms the whitefly's ability to adapt to plant defenses, suggesting the importance of new strategies for controlling this pest. The study also highlights the importance of investigating other plant species and carrying out more collections in the regions of the city of Imperatriz-MA, where the first samples were collected, in order to expand knowledge about these biological interactions.

Keywords: BtPMT1 gene; Whitefly; Soybean.

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	7
2	OBJETIVOS	8
2.1	Objetivo geral	8
2.2	Objetivos específicos	8
3	REVISÃO DA LITERATURA	8
3.1	Mosca branca	8
3.2	Soja	9
3.3	Interação inseto-planta	9
3.3.1	Herbivoria	10
3.3.2	Coevolução	10
3.3.3	Sinalização química	10
3.3.4	Mutualismo e interações positivas	10
3.4	Papel do DNA na interação inseto-planta	11
3.5	Comparação de DNA's	11
3.6	Técnicas Moleculares	12
4	METODOLOGIA	12
5	RESULTADOS E DISCUSSÃO	17
6	CONCLUSÕES	22
7	REFERÊNCIAS	22

1 INTRODUÇÃO

Na agricultura, a interação entre insetos fitófagos e plantas hospedeiras tem um papel crucial na dinâmica populacional e na saúde das lavouras, sendo um campo de estudo fascinante, com implicações profundas na compreensão da ecologia e da evolução das interações biológicas (Dias-Pini *et al.*, 2016). A mosca branca, *B. tabaci* Genn., é uma praga agrícola que afeta plantas hospedeiras como a Soja (De Brito *et al.*, 2016). Essa interação tem despertado um crescente interesse na área agrícola e uma grande preocupação por conta dos diversos ataques a essas culturas em algumas regiões do Brasil.

Essas interações são caracterizadas pela troca de informações genéticas, que têm resultados significativos na resistência a pragas e na produtividade agrícola. A resposta das plantas às pragas se dá por um vasto conjunto de mecanismos de defesa, incluindo reações bioquímicas e fisiológicas (Fernandes *et al.*, 2009). No entanto, os insetos herbívoros têm se mostrado bastante capazes de superar esses mecanismos de defesa, adaptando-se rapidamente às mudanças nos caracteres das plantas hospedeiras (Simms; Fritz, 1990).

Em um trabalho desenvolvido por Xia *et al.* (2021), os autores evidenciaram que o genoma da mosca branca contém um tipo de gene específico de planta que codifica a toxina maloniltransferase de glicosídeo fenólico, o qual permite a desintoxicação de fenólicos glicosídeos (toxinas de autodefesa), demonstrando sua habilidade em superar a defesa das plantas hospedeiras. O estudo demonstrou que o inseto interfere no funcionamento deste gene, sugerindo, em suas análises, uma alternativa de controle de pragas para essa espécie.

A *Bemisia tabaci* Genn. (família Aleyrodidae, subordem Sternorrhyncha, ordem Hemiptera) é uma espécie com pelo menos 30 subespécies sendo considerada uma praga agrícola (De Barro *et al.*, 2011; Liu *et al.*, 2007). É um inseto que se alimenta da seiva da planta, tendo sido objeto de estudo pela sua habilidade de reprodução em curto prazo, além de apresentar resistência aos mecanismos de defesa e de transmitir vírus que podem ocasionar danos sérios às plantações (Gilbertson *et al.*, 2015). Degrande e Vivan (2010) apontaram os surtos nos anos 90 em plantações de tomate, ocorrendo em grande parte nas regiões Centro-Oeste, causando danos nas safras.

A soja, *Glycine max* (L.) Merrill, uma espécie agrícola essencial para garantir a segurança alimentar global, tem sido frequentemente ameaçada por essa espécie, devido à sua variedade e variação em diferentes regiões do Brasil (Suekane *et al.*, 2013). Os danos causados na Soja surgem da seiva, que é rica em açúcares e serve de substrato para o crescimento do fungo fumagina (*Capnodium* spp.) capaz de afetar a fotossíntese e a transmissão da virose (Suekane *et al.*, 2013).

O DNA (ácido desoxirribonucleico), sendo o código genético fundamental da vida, é crucial para compreender essas interações, permitindo que cientistas analisem os mecanismos moleculares da resistência das plantas e as adaptações dos insetos. A comparação de DNA é uma técnica essencial na biologia molecular, revolucionando a compreensão da hereditariedade, diversidade genética e evolução (Nei; Kumar, 2000). Suas raízes remontam à década de 1950, quando James Watson e Francis Crick elucidaram a estrutura do DNA, revelando seu papel como o código genético universal (Watson; Crick, 1953).

O estudo e a análise do DNA da *B. tabaci* nas interações, pode fornecer uma visão mais aprofundada das relações evolutivas e adaptações genéticas, além de fornecer informações sobre os mecanismos moleculares que envolvem essa relação. Além de tudo, a análise comparativa pode ajudar a identificar genes específicos (Griffiths *et al.*, 2015), fornecendo alvos potenciais para o aprimoramento de parâmetros de controle de pragas mais eficientes e sustentáveis. Neste trabalho, foi investigada a interação de *B. tabaci* com Soja sob uma perspectiva genômica.

2 OBJETIVOS

2.1 Objetivo geral

Analisar os DNA's das Moscas brancas e de mudas de Soja após cultivos procurando alguma similaridade entre os mesmos.

2.2 Objetivos específicos

- ✓ Extrair o DNA de ambas as espécies em estudo.
- ✓ Analisar seus DNA's extraídos.
- ✓ Identificar os DNA's na busca por genes semelhantes.

3 REVISÃO DA LITERATURA

3.1 Mosca branca

A classe Insecta é composta por mais de 750.000 espécies e é considerada o maior grupo, sendo três vezes mais numerosa que os demais grupos do reino animal (Ruppert; Barnes, 1996). A *B. tabaci* Genn. é uma das várias pragas prejudiciais para a agricultura no mundo (IRAC-BR, 2024). A família Aleyrodidae, que inclui as moscas-brancas, causa sérios prejuízos às plantações devido à sucção de seiva e à transmissão de fitovírus (Lapadula; Mascotti; Juri Ayub, 2020). O ciclo vital é composto por estágios de ovo, ninfa e adulto (Mond; Halsey, 1978).

A alimentação de ninfas e adultos pode debilitar as plantas, diminuir a produtividade e afetar a qualidade dos produtos agrícolas, o que contribui para sua ampla distribuição geográfica (Byrne; Bellows, 1991). Desejável em climas quentes e secos, facilitando sua disseminação em

regiões tropicais e subtropicais (Gerling; Horowitz; Baumgaertner, 1986). É um inseto com um comprimento de 1 a 2 mm, cor amarelada e asas brancas. Os machos são menores e têm ciclos de vida mais curtos que as fêmeas (Butler; Henneberry; Clayton, 1983; Eichelkraut; Cardona, 1989; Gerling; Horowitz; Baumgaertner, 1986).

Em geral, esses insetos se reproduzem de forma sexual, mas a reprodução assexuada também é possível, resultando em descendentes do sexo masculino (Koppert, 2024). Lynch e Simmons (1993) observaram que a *B. tabaci* prefere as folhas jovens para a nutrição e ovoposição, concordando com Butler; Henneberry; Clayton, (1983). Ainda na questão, as fêmeas preferem ovopositar na face abaxial (atrás) das folhas jovens que apresentam pilosidade (Eichelkraut; Cardona, 1989), conseqüentemente, nutritivas (Lenteren; Noldus, 1990).

Os ovos amarelos, em forma de pêra, estão presos à superfície da planta hospedeira pelo caule, após a eclosão, a ninfa se move pela folha até encontrar um local adequado para se instalar podendo variar de uma hora a vários dias (IHARA, 2021). Após se estabelecerem, invadem o floema da planta com o seu aparelho bucal e permanecem por um longo período (Eichelkraut; Cardona, 1989).

3.2 Soja

A soja *Glycine max* (L.) Merrill, uma das mais importantes leguminosas cultivadas em todo o mundo, tem sido objeto de interesse global devido à sua versatilidade e valor nutricional (GEOINOVA, 2023). Registros históricos mostram que a soja foi domesticada na China sendo usada na alimentação de humanos e animais domésticos há milênios (Gazzoni; Dall'agnol, 2018).

A soja é da família Fabaceae e pertence ao gênero *Glycine*, crescendo como uma pequena árvore ou arbusto, com hastes eretas e folhas trifoliadas, as flores são pequenas e de cor branca a roxa, produzindo vagens que contêm as sementes (Tejo; Fernandes; Buratto, 2019). O seu grão é fonte de proteína e óleo, para diversos produtos industriais, tendo assim grande aplicabilidade na indústria e consumo com a produção total de grãos de aproximadamente 318,25 milhões de toneladas no mundo (Usda, 2015).

O Brasil é um dos grandes exportadores de soja devido às adaptações e avanços tecnológicos nas últimas décadas e pelos diversos programas de melhoramento (Viana *et al.*, 2015).

3.3 Interação inseto-planta

Insetos e plantas convivem há cerca de 300 milhões de anos, como demonstrado pelas lesões causadas por insetos em algumas plantas fossilizadas (Ciência Hoje, 2014). No entanto, a maior diversificação dos insetos ocorreu por volta de 65 milhões de anos atrás, quando os

insetos começaram a se espalhar (Gullan; Cranston, 2007). As interações podem ser fundamentadas em princípios específicos, como:

3.3.1 Herbivoria

Além do consumo de folhas, existem diversas formas de manifestação desse tipo de hábito (Ayoama; Labinas, 2012). As plantas evoluíram em sua capacidade de se defender de herbívoros, incluindo toxinas, tricomas e estruturas físicas, enquanto os insetos desenvolveram adaptações morfológicas e fisiológicas para superar as defesas e se alimentar das plantas (Frossard; De Souza; Marucci, 2023).

3.3.2 Coevolução

A interação entre inseto e planta, com frequência, é caracterizada por uma coevolução, onde as modificações evolutivas em uma espécie provocam respostas adaptativas em outra (Mark, 2006). As pressões ambientais superam as das plantas, que são as principais protagonistas no estudo da evolução e da ecologia comportamental (Mayr, 2001). Os objetivos dos estudos são salientar o valor adaptativo de comportamentos específicos, como a polinização (Del-Claro, 2004). A coevolução ocorre quando se encontra uma interação entre dois grupos, resultando em uma evolução evolutiva em conjunto (Ricklefs, 1996).

3.3.3 Sinalização química

As plantas podem influenciar o comportamento dos insetos através da produção de compostos químicos, como os alomônios, sendo eles, compostos químicos como mecanismo de defesa (Macedo; Guedes Garcia, 2007). Este composto repelente de insetos pode ter um impacto direto na sua orientação, dissuasão inibindo o consumo de folhas e a postura de ovos pelo hospedeiro (Guedes, 2008).

As plantas também podem atrair os inimigos naturais dos insetos hospedeiros, liberando compostos voláteis, que podem sinalizar aos predadores que os seus sistemas de defesa foram acionados pelo ataque das presas (Riffel; Da Costa, 2015). Os compostos voláteis liberados pelas plantas podem indicar aos outros herbívoros que o complexo de defesa da planta está ativo, permitindo que as plantas evitem a competição com outras espécies (Karban; Baldwin, 1997). A capacidade de absorver esses compostos é uma vantagem, posto que eles podem ser usados para proteger contra agentes patogênicos e predadores (Mello; Silva-Filho, 2002).

3.3.4 Mutualismo e interações positivas

Nem todas as interações entre plantas e insetos são ruins para uma das partes, algumas interações demonstram benefícios tanto para as plantas quanto para os insetos (Oliveira, 2024). Embora a teoria das relações positivas entre herbívoros não seja aceita há anos, pesquisas têm demonstrado o benéfico impacto positivo que os insetos têm nas plantas que as abrigam

(Bronstein, 2009). Por outro lado, algumas interações como a tolerância possa ser uma resposta alternativa de melhoria, dependendo da situação (Raven; Evert; Eichhorn, 1992).

A evolução dos mecanismos de resistência pode ser uma das principais causas do potencial de mutualismo entre inseto e planta em herbívoros, nos anos 1940, é notório que os herbívoros também poderiam ter um impacto benéfico sobre as plantas (Gonçalves, 2015).

3.4 Papel do DNA na interação inseto-planta

A interação entre plantas, insetos e microrganismos resulta de uma coevolução de milhões de anos, essencial para os ecossistemas terrestres (Lovatto; Schiedeck; Garcia, 2012). O DNA desempenha um papel fundamental nesse processo, pois as mudanças genéticas em ambas as espécies podem moldar suas interações (Miotto; Monacelli, 2020). As plantas podem desenvolver resistência a herbívoros por alterações genéticas prejudicando a produção de compostos químicos de defesa, já os herbívoros podem evoluir mecanismos para neutralizar essas defesas (Powers *et al.*, 1991).

Nos estudos desenvolvidos por Elvira *et al.*, (2008) os mecanismos de defesa contra as infecções por ataques até mesmo por patógenos são mediados pelos genes *R*. Muskett & Parker (2003) acreditam que uma das características dos sistemas de defesa é desempenhada pelo gene SGT1, sua função molecular através de análise de sequência e predições de estrutura revela que a proteína SGT1 possui características de co-acompanhante que a ligam à Hsp90 animal (Holt III; Hubert; Dangl, 2003), criando uma ligação entre o sistema de defesa das plantas e o sistema imunológico dos animais, logo podem ser a última forma eficaz de defesa das plantas.

A evolução de genes influencia na habilidade de se alimentar de plantas hospedeiras específicas, incluindo receptores de compostos químicos voláteis das mesmas, enzimas digestivas especializadas e resistência a toxinas vegetais (Mitter; Futuyama, 1983).

A transferência horizontal de genes de plantas para insetos é o processo no qual genes de plantas são incorporados no genoma de insetos, sem a necessidade de reprodução sexual entre as espécies (Gilbert; Maumus, 2023). Esse fenômeno permite que os insetos adquiram características vantajosas, como a resistência a toxinas ou substâncias químicas presentes nas plantas que consomem (Lapadula; Mascotti; Juri Ayub, 2020). A transferência ocorre por mecanismos como a ingestão de material genético durante a alimentação ou a ação de vírus que facilitam a introdução de genes (Gilbert; Maumus, 2023).

3.5 Comparação de DNA's

A comparação de DNA tem suas raízes na década de 1950, quando James Watson e Francis Crick elucidaram a estrutura do DNA, revelando seu papel como o código genético universal (Watson; Crick, 1953).

O seu principal objetivo é identificar similaridades e diferenças entre sequências de DNA, permitindo inferências sobre relações evolutivas, identificação de genes, estudos de variabilidade genética e solução de crimes (FasterCapital, 2024). A análise dessas comparações é essencial para investigar a diversidade genética dentro e entre populações podendo incluir estudos sobre migração humana, fluxo gênico, estrutura populacional e história demográfica (Zaha, 2000).

3.6 Técnicas Moleculares

A Reação em Cadeia da Polimerase (PCR, em inglês Polymerase Chain Reaction) é uma técnica usada na biologia molecular para amplificar uma região específica de DNA (Reece, 2011). Desenvolvida por Kary Mullis em 1983, revolucionou a genética e a biologia molecular, permitindo a produção de milhões de cópias de um segmento de DNA particular em poucas horas (Champe; Harvey, 1997). Ela é baseada na capacidade da enzima DNA polimerase de sintetizar novas cadeias de DNA complementares a partir de uma molécula de DNA molde, usando nucleotídeos livres (Assunção; Correia, 2014).

Definida como uma técnica de laboratório básica, a Eletroforese emprega a eletricidade para induzir a divisão de moléculas carregadas, tal como proteínas e ácidos nucleicos (Oliveira *et al.*, 2015). A ideia de separar proteínas por eletroforese nasceu em 1930, quando Arne Tiselius, um bioquímico sueco, percebeu que era necessária uma investigação de várias proteínas que estavam sendo descobertas desde o início do séc XX (Rocha *et al.*, 2005). A partir daí, as técnicas para isolamento de proteínas foram aprimoradas e foi alcançada uma redução do calor devido ao efeito do campo magnético e melhor eficiência nas análises (Spudeit; Dolzan; Micke, 2012; Oliveira *et al.*, 2015).

4 METODOLOGIA

Cultivo de plantas e insetos

Moscas brancas adultas e plantas de soja convencional foram obtidos da criação do laboratório de Entomologia, CCA/UEMASUL. No laboratório os insetos foram criados em plantas de soja convencional, cobertas com um cilindro plástico transparente de 50cm de altura e 20cm de diâmetro fechado na parte superior com uma manga lateral, utilizando um tecido de nylon (figura 1). Os cilindros foram acondicionados em câmara climatizada com temperatura 25°C, UR 70% e fotoperíodo 16:8h (luz: escuro).

Figura 1. Cilindro plástico com a espécie vegetal e as moscas já inseridas.

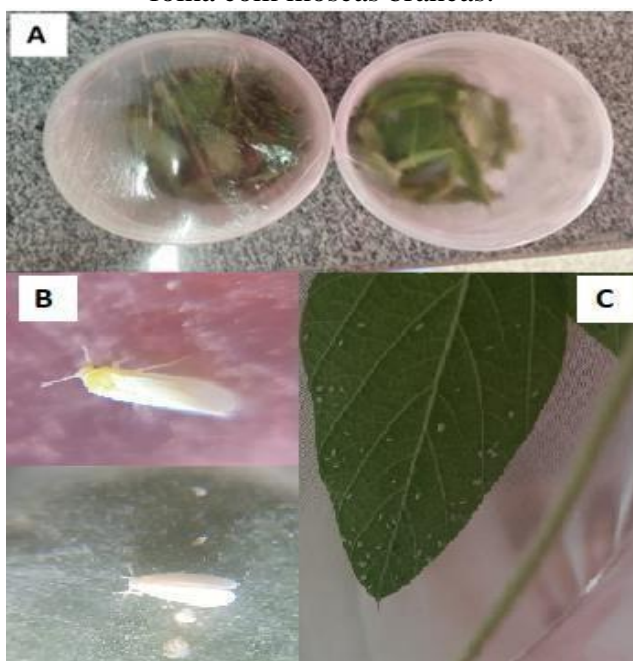


Fonte: Autor, (2024).

Coleta das amostras e extrações dos DNA's

Da criação do laboratório foram escolhidas duas plantas de soja em bom estado para coleta das folhas atacadas pela mosca, obtendo-se dois conjuntos de amostras (4 folhas em cada planta). Os insetos foram retirados dos cilindros de criação, totalizando 10 amostras (5 moscas de cada cilindro) (figura 2). As amostras de insetos e plantas foram levadas para o laboratório do CEUMA para extração do DNA e análises (figura 3).

Figura 2. Amostras coletadas: A- amostras vegetais, B- moscas coletadas para separação e C- folha com moscas brancas.



Fonte: Autor, (2024).

Figura 3. Amostras para extração ASI e ASII - folhas de soja, e amostras animais.



Fonte: Autor, (2024).

Toda as extrações (vegetal e animal) seguiram o protocolo do Kit de purificação de DNA genômico baseado no uso de resina (50 reações) marca Lac Biotecnologia da empresa ProLab, sendo adaptada algumas etapas pelo autor para melhor funcionamento das extrações (tabela 1).

Tabela 1- Protocolo para extração de DNA das amostras.

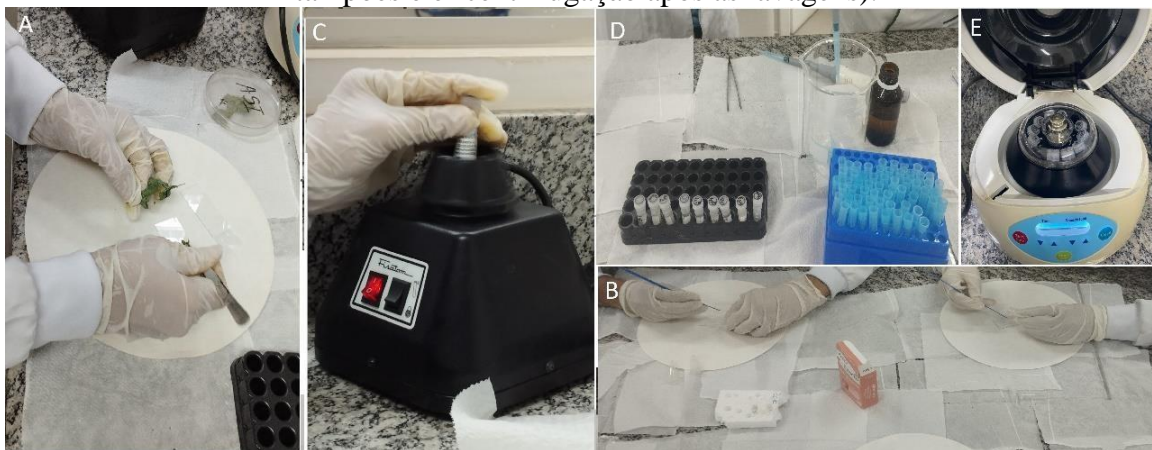
Protocolo Extração DNA - Kit Basilica (código 13-BR200)	
Etapas	Procedimento
1-	Homogeneizar o tubo contendo o tampão L1 no vortex por 10 seg
2-	Adicionar 0,1 grama de planta no tubo L1 e colocar no vortex por 10 seg Adicionar <i>Bemisia</i> (maceradas) no tubo L1 e colocar no vortex por 10 seg
3-	Em temperatura ambiente deixar por 10 minutos, agitando a cada min
4-	Colocar no vortex por 10 seg
5-	Centrifugar a 9000 RPM por 30 seg
6-	Descartar o sobrenadante por sucção
7-	Lavar o precipitado com 900ml do tampão L2 dissolvendo o pellet e voltar a centrifugar a 9000 RPM por 30 seg
8-	Descartar o sobrenadante
9-	Repetir etapa 7
10-	Descartar o sobrenadante
11-	Lavar o precipitado com 900ml do tampão L3 dissolvendo o pellet e voltar a centrifugar a 9000 RPM por 30 seg
12-	Descartar o sobrenadante
13-	Repetir etapa 11
14-	Descartar o sobrenadante
15-	Lavar o precipitado com 900ml tampão L4, dissolvendo o pellet e voltar a centrifugar a 9000 RPM por 30 seg
16-	Descartar o sobrenadante
17-	Repetir etapa 15
18-	Descartar o sobrenadante
19-	Deixar secar o pellet a 56°C por 10 min com tampa aberta em estufa. Caso o pellet não esteja completamente seco, deixar novamente por 5 min

20-	Adicionar 100ml do tampão E1 ao precipitado com leves movimentos para descolar o precipitado do fundo do tubo e deixar por mais 10 min a 56°C na estufa com a tampa fechada
21-	Centrifugar por 10 min a 10000 RPM
22-	Retirar sobrenadante transferindo para um eppendorf onde ficará o DNA extraído

Fonte: Autor, (2024).

Todos os procedimentos descritos no protocolo foram realizados no laboratório de biologia molecular do CEUMA (figura 4). Após as extrações foram preparadas as amostras usando o kit master mix para PCR da Ludwig Biotecnologia seguindo o procedimento padrão do kit. Os primers usados para fazer as ligações com as fitas opostas do DNA estudado foram cBtPMaT1-F ACAGCGTTCTCCGACTTTTAG e cBtPMaT1-R ACTCCTTTTTTCCTCTTTGCC da Síntese Biotecnologia. Os primers foram suspensos adicionando água (100µl) e passados em vortex por 1 min para agitação, após o procedimento foi deixado a 10 min para descanso.

Figura 4. Algumas etapas do protocolo de extração (a- maceração das folhas, b- maceração das moscas, c- agitação no vortex, d- processos de descarte do sobrenadante e lavagem com tampões e e- centrifugação após as lavagens).



Fonte: Autor, (2024).

Foram feitos cálculos para as quantidades de volume dos componentes do kit mix pcr (tabela 2) sendo contadas com base na quantidade inicial de cada amostra totalizando 25µl de volume final, todos os componentes foram pipetados nas bandejas conforme as pesagens 12,5µl de mix, 2,0µl do primer cBtPMaT1-F, 2,0µl do primer cBtPMaT1-R, 6,5µl de água e 2µl de amostra (figura 6).

Tabela 2 – Quantidade de cada componente no mix pcr.

Mix PCR	
Componente	Quant. Vol (µl)
Tampão	5,5
MgCl ₂	2,0

dNTp	1,0
DMSO	1,0
cBtPMaT1-F	1,0
cBtPMaT1-R	1,0
Taq	0,4
H2O	11,1
Amostra	2,0
Volume final	25,0

Fonte: criado pelo autor (2024).

Após o término das pipetagens na bandeja as amostras foram seladas e armazenadas no termociclador para as seguintes repetições: 1x (3 min a 95°C), 35x (45 seg a 92°C, 30 seg a 55°C, 30 seg a 72°C) 1x (5 min a 72°C) e permanecendo a 4°C até a retirada das amostras (figura 5).

Figura 6. A - A - Amostras preenchidas com todas as composições na linha A e colunas de 1 a 12 respectivamente sendo A-1 e A-2 com DNA vegetal e A-3 a A-12 com DNA animal; B – Painel do termociclador com o ciclo de repetições amostradas.



Fonte: Autor, (2024).

Após a retirada da bandeja do termociclador ao término das repetições foi preparada a cuba para a técnica da eletroforese para a corrida em gel (tabela 3). Após todas as etapas foi feita as leituras para identificação.

Tabela 3 – Procedimento de preparo e uso da cuba de eletroforese.

Procedimentos para eletroforese	
Ordem	Etapas
1	Preparar o tampão de eletroforese TBE 0,5X (ou TAE 1X) e preencher a cuba.

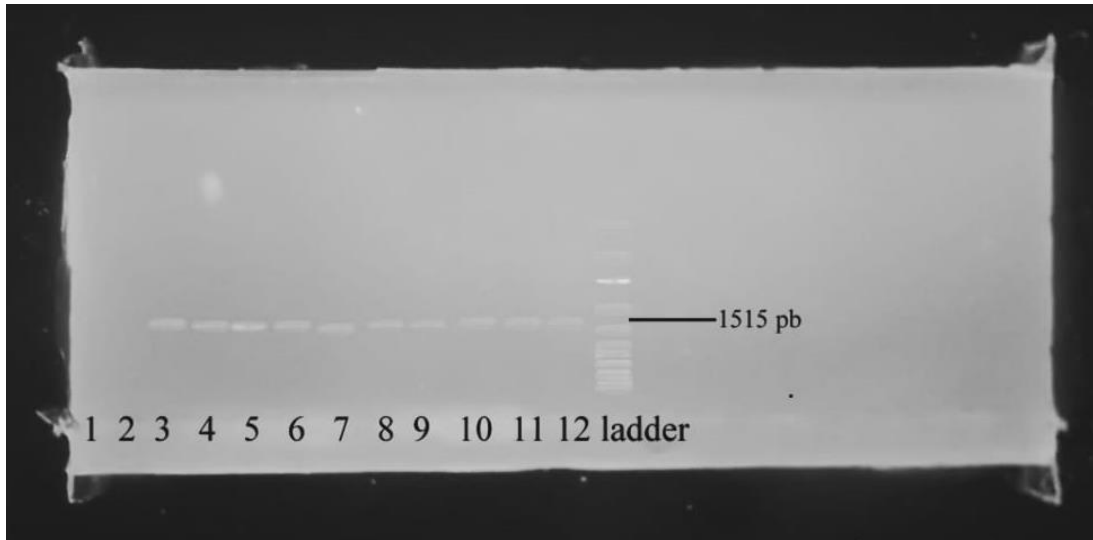
2	Preparar a solução de agarose TBE 0,5X (ou TAE 1X), à concentração apropriada segundo o tamanho da amostra de DNA. Para isso pese a quantidade correta de agarose (a concentração depende do tamanho das amostras que carregue) e misture com o volume de tampão que precisa para fazer o gel.
3	Esquente no micro-ondas até dissolver a agarose, mexendo continuamente para evitar ferver. Checar se o volume de agarose diminuiu (principalmente quando são geis reutilizados), no caso de que seja assim complete com água.
4	Deixe esfriar até aproximadamente $<60^{\circ}\text{C}$, adicione o $1,5\mu\text{l}$ de brometo de etídio ($1\mu\text{g}/\mu\text{l}$) por cada 30 ml de agarose e misture agitando cuidadosamente.
5	Verta a agarose na bandeja, elimine borbulhas com uma ponteira e rapidamente coloque os pentes.
6	Espero que gelifique (aprox. 30 min) e coloque o tampão de eletroforese na cuba, retire as placas da forma e o pente. Verifique que o tampão de eletroforese deva cobrir o gel em 1 mm ou um pouco mais.
7	Preparar as amostras para aplicar, usando $1\mu\text{l}$ de corante por cada $5\mu\text{l}$ de amostra. Se a quantidade de amostra for menor, completar com água.
8	Carregar as amostras ordenada e cuidadosamente nos pocinhos. Não esqueça de aplicar o ladder.
9	Conecte os fios na cuba e na fonte de energia, verificando estar corretamente colocados (lembre a natureza negativa dos ácidos nucleicos).
10	Ligue a fonte e ajuste a voltagem entre 60 e 100 V (ou 1-5 V/cm de comprimento do gel), segundo o tamanho e concentração do gel. Depois de começar a corrida, verificar o passo de corrente no gel e a polaridade de movimentação da amostra.
11	Desligue a corrente quando as amostras tiverem migrado o suficiente (usar o corante como referência). Cuidadosamente coloque o gel sem a bandeja no transiluminador, coloque a tampa protetora ou feche, examine o gel e fotografe.

Fonte: criado pelo autor (2024).

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As extrações vegetais e animais resultaram em DNA's de boa qualidade. As amostras das moscas brancas deram positivas (figura 7) para o gene de origem vegetal BtPMT1, ladder (4,500 bp, 3,000 bp, 2,000 bp, 1,200 bp, 800 bp, 500 bp, 200 bp) sendo o tamanho do gene BtPMT1 de 1515pb conforme o autor (Xia *et. al*, 2021). Com relação a planta de soja a análise deu negativa para este gene.

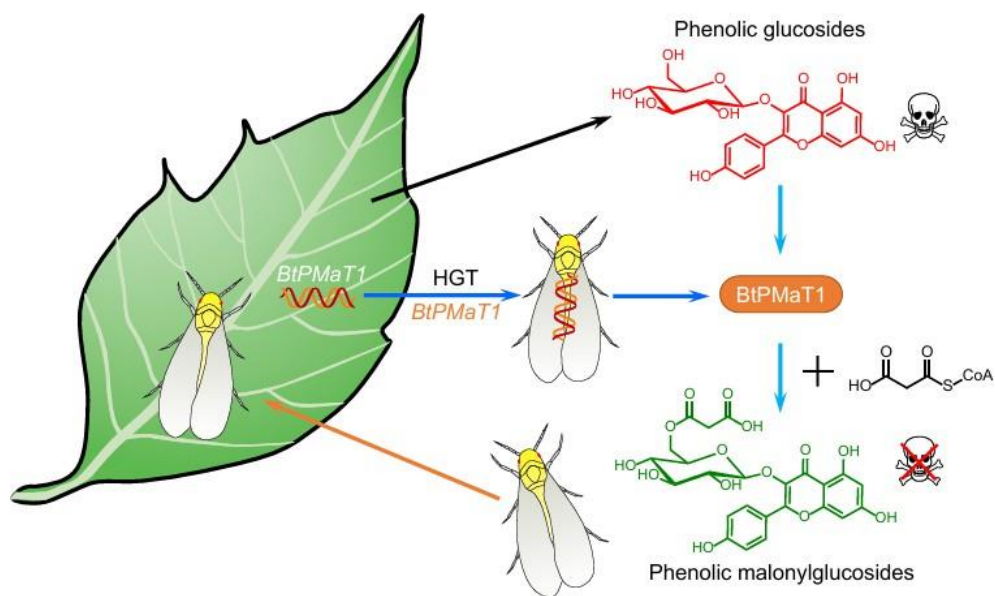
Figura 7. Amostra 1 e 2 (planta) e 3 a 12 (mosca), tamanho do gene 1515pb.



Fonte: Autor, (2024).

Portanto o presente trabalho mostra a incorporação de gene vegetal no DNA da mosca branca semelhante a uma pesquisa feita por Xia *et al.*, (2021). O estudo de Xia *et al.*, (2021) encontrou o mesmo gene e sugeriu que ele veio de plantas do gênero *Nicotiana*, como o tabaco selvagem. Eles demonstraram que esse gene em específico catalisa a malonilação de glicosídeos fenólicos, neutralizando os compostos tóxicos produzidos pelas plantas (figura 8).

Figura 8. Visão esquemática de como a aquisição do gene vegetal BtPMT1 capacita a *B. tabaci* a neutralizar glicosídeos fenólicos das plantas.



Fonte: Xia *et al.* (2021).

Algumas pesquisas podem ser usadas como hipóteses sobre a evolução da mosca-branca, dentre elas há a de Bird (1957) onde sugeriu que a mosca pode ter evoluído para adquirir

material genético de plantas, como vírus, enquanto Brown; Frohlich; Rossel (1995) indicaram que a diversidade genética na mosca-branca permitiu a adaptação a diferentes plantas.

A presente pesquisa complementa o trabalho de *Sharma et al.*, (2015) onde eles também identificaram a transferência de genes de plantas para insetos demonstrada pela presença de transcritos de plantas em *Anopheles culicifacies*, reforçando a ideia de que a transferência de genes pode ser um fenômeno mais comum e funcional do que imaginamos.

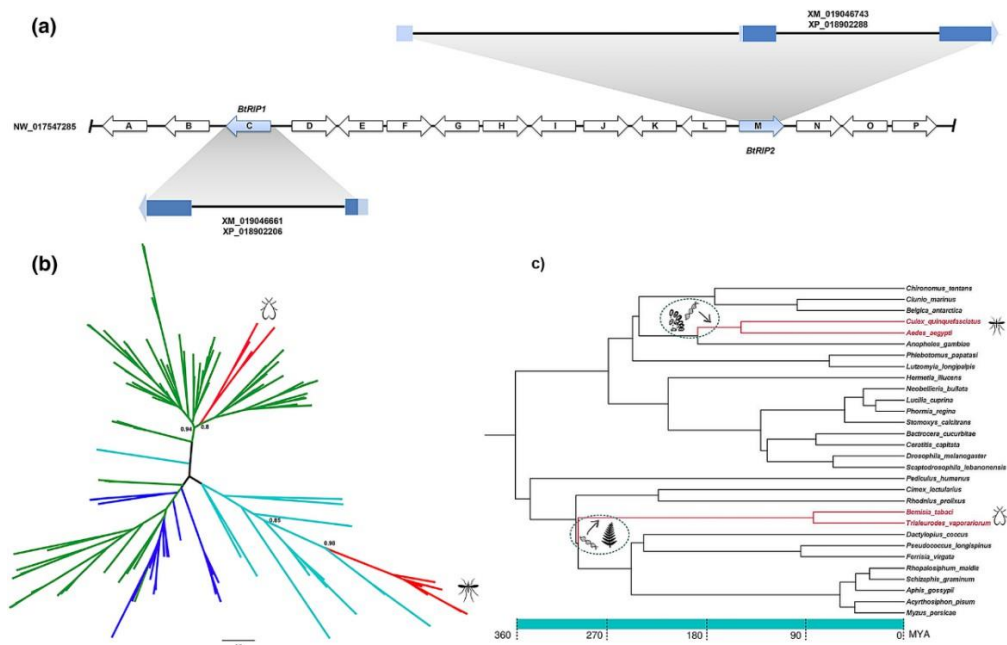
Sharma et al., (2015) descobriram que o mosquito possui genes na saliva que produzem moléculas vegetais, como os carotenoides e flavonoides, e que esses genes podem ter sido adquiridos ao longo da evolução de plantas, algas e bactérias. Além disso, descobriram que a saliva do inseto contém bactérias capazes de usar luz para gerar energia, ajudando a processar açúcares das plantas que os mosquitos consomem (figura 9).

(A) Predição de transcrições salivares que codificam enzimas envolvidas na via de “Fixação de Carbono em Organismos Fotossintéticos” (B) Análise filogenética de uma transcrição salivar codificando uma planta ligada à via de “Biossíntese da Estrutura Trepenoide”. (C) Análise filogenética de uma transcrição salivar codificando uma planta homóloga Fitoeno ligada à via de “Biossíntese de Carotenoides”. (D) A identificação da flora microbiana salivar associada a bactérias únicas provavelmente auxiliando o mosquito a se adaptar, alimentar e metabolizar diversas fontes de açúcar. **Fonte:** Sharma *et al.*, (2015).

A pesquisa de Lapadula; Mascotti; Juri Ayub, (2020) aponta evidências de como a mosca-branca pode adquirir genes funcionais de plantas para lidar com toxinas. Diferente desta, a deles tem como foco as ribotoxinas, então esses genes de plantas podem fornecer a mosca uma vantagem evolutiva, porque permite que ela utilize uma ampla gama de plantas como fonte de alimento.

Nessa pesquisa (figura 10), eles identificaram em *B. tabaci* MEAM 1 dois genes RIP (Proteínas inativadoras de ribossomos), BtRIP1 e BtRIP2, com sequências que mostravam maior semelhança com RIPs de plantas do que com as da mosca (Lapadula; Mascotti; Juri Ayub, 2020).

Figura 10. Representação esquemática do arcabouço genômico proposto por Lapadula *et al.* (2020).



(A) Esquema representando a região genômica *B. tabaci* MEAM1 abrangendo os genes *BtRIP1* e *BtRIP2*. (B) Filogenia não enraizada dos genes *RIP*. (C) Filogenia de espécies selecionadas das ordens Neoptera. **Fonte:** Lapadula *et al.*, (2020).

6 CONCLUSÕES

As análises confirmaram a presença do gene BtPMaT1 no DNA da mosca branca, que é um gene de material vegetal, mas não foi identificada na planta de soja. No entanto são necessários novos estudos para identificar qual espécie de planta é a originária do gene presente na mosca visto que a espécie em estudo não apresentou este gene em específico.

Registros de pesquisa do laboratório de entomologia da UEMASUL apontaram que as primeiras moscas brancas criadas em soja foram coletadas em plantios de couve de um produtor na faixa do Cinturão Verde na cidade de Imperatriz-ma. Esta pode ser uma possível hipótese para confirmar a origem do gene.

É importante fazer a coleta de amostras dos plantios de couve para confirmar a origem vegetal do gene presente no inseto. É preciso também analisar os bancos de dados das espécies de mosca branca presentes no Maranhão para comparações, a fim de encontrar espécies vegetais com o mesmo gene encontrado ou espécies deste inseto com o mesmo gene.

7 REFERÊNCIAS

- ASSUNÇÃO, J. G. F.; CORREIA, A. K. A. **Análise comparativa das técnicas de biologia molecular para genotipagem do Papilomavírus humano - HPV**. Revista Científica da Escola da Saúde, v. 3, n. 2, abr./set. 2014.
- AYOAMA, E. M.; LABINAS, A. M. **Características estruturais das plantas contra a herbivoria por insetos**. Enciclopédia Biosfera, v. 8, n. 15, p. 365–368, 2012.
- BIRD, J. **A whitefly transmitted mosaic of *Jatropha gossypifolia***. Technical Paper Agricultural Experiment Station. Puerto Rico, v. 22, p. 1-35, 1957.
- BRONSTEIN, J. L. Mutualism and symbiosis. pp. 233-238. Em: **The Princeton guide to ecology**. S.A. Levin, ed Princeton University Press, Princeton, 2009.
- BROWN, J. K.; FROHLICH, D. R.; ROSSELL, R. C. The sweet potato or silverleaf whiteflies: biotypes of *Bemisia tabaci* or a species complex. **Annual Review of Entomology** v. 40, p. 511-534, 1995.
- BUTLER, J. R.; HENNEBERRY, G. D.; CLAYTON, T. J. *Bemisia tabaci* Genn. (Homoptera: Aleyrodidae): **development, oviposition, and longevity in relation to temperature**. v.76, n.2, p.310-313, 1983.
- BYRNE, D. N.; BELLOWS, T. S. Jr. Whitefly biology. **Annual Review of Entomology**, v.36, p.431-457, 1991.
- CIÊNCIA HOJE. Marcas de insetos em folhas fossilizadas na Antártica. Disponível em: <https://cienciahoje.org.br/artigo/marcas-de-insetos-em-folhas-fossilizadas-na-antartica/>. Acesso em: 22 mai. 2024.

- CHAMPE, P. C.; HARVEY, R. A. **Bioquímica ilustrada**. 2ed. Porto Alegre: Artes Médicas, 446p. 1997.
- DE BARRO, P. J.; LIU, S. S.; BOYKIN, L. M.; DINSDALE, A. B. *Bemisia tabaci* Genn.: a statement of species status. *Annu. Rev. Entomol.* 56, 1–19, 2011.
- DE BRITO, J. A.; ALVES, L. W. R.; LIMA, A. L.; JESUS-BARROS, C. R.; ADAIME, R. **Pragas da soja (*Glycine max*) em Itaúbal do Pírim, AP**. 2016. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/152892/1/CPAF-AP-2016-Pragas-da-soja.pdf>. Acesso em: 20 jun. 2024.
- DEGRANDE, P. E.; VIVAN, L. M. Pragas da soja. **Boletim de pesquisa de soja da Fundação MT**, v.1, n.14, p.152-215, 2010.
- DEL-CLARO, K.; PREZOTO, F. Comportamento animal. **Uma introdução à Ecologia Comportamental**. Livraria Conceito, Jundiá: 2004.
- DIAS-PINI, N. S.; COUTINHO, C. R.; PASTORI, P. L.; GUZZO, E. C. **Seleção Hospedeira por Insetos Fitófagos**. Fortaleza: Embrapa Agroindústria Tropical, 2016.
- EICHELKRAUT, K.; CARDONA, C. **Biología, cria missal y aspectos ecológicos de la mosca blanca *Bemisia tabaci* Genn. (*Gennadius*) (*Homoptera: Aleyrodidae*), como plaga del frijol común**. Turrialba, v.39, n.1, p.55-62, 1989.
- ELVIRA, M. I.; GALDEANO, M. M.; GILARDI, P.; GARCÍA-LUQUE, I.; SERRA, M. T. Proteomic analysis of pathogenesis-related proteins (PRs) induced by compatible and incompatible interactions of pepper mild mottle virus (PMMoV) in *Capsicum chinense* L3 plants. **Journal of Experimental Botany**, 59(6): 1253-1265, 2008.
- EMBRAPA. Características da soja. Portal Embrapa, 2023. Disponível em: <https://www.embrapa.br/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/soja/pre-producao/caracteristicas-da-especie-e-relacoes-com-o-ambiente/caracteristicas-da-soja>. Acesso em: 16 abr. 2024.
- FASTERCAPITAL. Introdução Ao Alinhamento De Sequências De DNA. Disponível em: https://fastercapital.com/pt/tema/introdu%C3%A7%C3%A3o-ao-alinhamento-de-sequ%C3%Aancias-de-DNA.html?utm_source=chatgpt.com. Acesso em: 16 abr. 2024.
- FERNANDES, C. F.; JÚNIOR, J. R. V.; SILVA, D. S. G.; REIS, N. D.; JÚNIOR, H. A. Mecanismos de defesa de plantas contra o ataque de agentes fitopatogênicos. Porto Velho, RO: Embrapa Rondônia, 2009.
- FROSSARD, I. G.; DE SOUZA, B. H. S.; MARUCCI, R. C. Defesas vegetais contra insetos. Blog Syngenta Digital, 2 jan. 2023. Disponível em: <https://blog.syngentadigital.ag/como-plantas-se-defendem-dos-insetos/>. Acesso em: 16 abr. 2024.
- GAZZONI, D. L.; DALL'AGNOL, A. **A saga da soja: de 1050 a.C. a 2050 d.C.** Brasília, DF: Embrapa, 2018. 199 p.
- GEOINOVA. A soja: Da natureza à nutrição global. GeoInova, 2023. Disponível em: <https://geoinova.com.br/a-soja-da-natureza-a-nutricao-global/>. Acesso em: 10 mai. 2024.

GERLING, D.; HOROWITZ, A. R.; BAUMGAERTNER, J. **Autoecology of *Bemisia tabaci* Genn.** Agriculture, Ecosystems & Environment, v.17, n.1/2, p.5-19, 1986.

GILBERT, C.; MAUMUS, F. Sidestepping Darwin: **horizontal gene transfer from plants to insects.** Curr Opin Insect Sci. 2023.

GILBERTSON, R. L.; BATUMAN, O.; WEBSTER, C. G.; ADKINS, S. **Role of the insect supervectors *Bemisia tabaci* Genn. and *Frankliniella occidentalis* in the emergence and global spread of plant viruses.** Annu. Rev. Virol. 2, 67–93, 2015.

GONÇALVES, T. S. **Interações ecológicas e evolutivas entre: plantas, herbívoros e seus inimigos naturais.** Agropecuária Científica no Semiárido, v. 3, n. 3, p. 1–9, 2015.

GRIFFITHS, A. J. F.; WESSLER, S. R.; CARROLL, S. B.; DOEBLEY, J. Introduction to Genetic Analysis. 11th Edition. W. H. Freeman and Company, 2015.

GUEDES, R. N. C. Interações inseto-planta e resistência de plantas hospedeiras a insetos. In: VENDRAMIN, J. D. (Org.). *Apostila de Entomologia Agrícola*. Universidade Federal do Paraná, 2008. p. 67-78.

GULLAN, P. J.; CRANSTON, P. S. **Os insetos: um resumo de entomologia.** 3. ed. São Paulo: Rocca, 2007. 440p.

HOLT III, F. B.; HUBERT, D. A.; DANGL, J. L. Resistance gene signaling in plants - complex similarities to animal innate immunity. **Current Opinion in Immunology**, 15: 20-25, 2003.

IHARA. Mosca-branca. 2021. Disponível em: <https://ihara.com.br/wp-content/uploads/sites/96/2021/04/ficha-tecnica-mosca-branca-ihara-1.pdf>. Acesso em: 17 abr. 2024.

IRAC-BR. *Bemisia tabaci*. Disponível em: https://www.illac-br.org/bemisia-tabaci?utm_source=chatgpt.com. Acesso em: 12 abr. 2024.

KARBAN, R.; BALDWIN, I.T. **Induced responses to herbivory.** Chicago. The University of Chicago Press, 1997.

KOPPERT. Mosca-branca do tabaco - Biocontrole, danos e ciclo de vida. Disponível em: https://www.koppert.com.br/pragas-de-plantas/moscas-brancas/mosca-branca/?utm_source=chatgpt.com. Acesso em: 16 abr. 2024.

LAPADULA, W. J.; MASCOTTI, M. L.; JURI AYUB, M. **Whitefly genomes contain ribotoxin coding genes acquired from plants.** Sci. Rep. 10, 15503, 2020.

LENTEREN, J. C. van; NOLDUS, L. P. J. J. Whitefly – plant relationships: behavioral and ecological aspects. In: GERLING, D. (Ed.). **Whiteflies: their bionomics, pest status and management.** Andover, UK: Intercept, 1990. p.47-89.

LIU, S. S.; DE BARRO, P. J.; Xu, J.; LUAN, J. B.; Zang, L. S.; RUAN, Y. M.; WAN, F. H. **Asymmetric mating interactions drive widespread invasion and displacement in a whitefly.** Science 318, 1769–1772, 2007.

LOVATTO, P. B.; SCHIEDECK, G.; GARCIA, F. R. M. A interação co-evolutiva entre insetos e plantas como estratégia ao manejo agroecológico em agroecossistemas sustentáveis. *Interciencia*, Caracas, v. 37, n. 9, p. 657-663, set. 2012.

LYNCH, R. E.; SIMMONS, A. M. **Distribution of immatures and monitoring of adult sweetpotato whitefly, *Bemisia tabaci* Genn. (Homoptera: Aleyrodidae) in peanut, *Arachis hypogaea*.** *Environmental Entomology*, v.22, n.2, p.375-380, 1993.

MACEDO, L. P. M.; GUEDES, J. V. C.; GARCIA, J. F. **Cucurbitacinas como fator de resistência a insetos-praga.** *Revista Caatinga*, v. 20, n. 2, 2007.

MARK, R. *Evolução*. 3ª Edição. Porto Alegre: Artmed. 2006.

MAYR, E. *A origem das espécies*. 1. ed. São Paulo: Companhia das Letras, 2001.

MELLO, M. O.; SILVA-FILHO, M. C. **Plant-insect interactions: an evolutionary Arms race between two distinct defense mechanisms.** *Brazilian Journal of Plant Physiology*, Campinas, v. 14, n.2, p. 71-81, 2002.

MIOTTO, M.; MONACELLI, L. Genome heterogeneity drives the evolution of species. *Physical Review Research*, v. 2, n. 4, p. 043026, 2020.

MITTER, C.; FUTUYMA, D. J. An evolutionary-genetic view of host plant utilization by insects. In: DENNO, R. F.; MCCLURE, M. S. (eds.). **Variable plants and herbivores in natural and managed systems.** Academic Press, New York, 1983.

MOND, L. A.; HALSEY, S. H. **Whitefly of the world: a systematic catalogue of the Aleyrodidae (Homoptera) with host plant and natural enemy data.** London British Museum (Natural History), 1978. 340p.

MUSKETT, P.; PARKER, P. Role of SGT1 in the regulation of plant R gene signalling. **Microbes and Infection**, 5: 969-976, 2003.

NEI, M.; KUMAR, S. *Molecular Evolution and Phylogenetics*. Oxford University Press, 2000.

OLIVEIRA, C. Plantas e Plantas. Insetos e plantas: uma relação de benefício mútuo. 2024. Disponível em: <https://plantaseplantas.com.br/insetos/descubra-como-os-insetos-e-as-plantas-se-beneficiam-mutuamente/>. Acesso em: 15 mar. 2024.

OLIVEIRA, E.; TRENTIN, T. C.; CAMARGO, F.; PEREIRA PINTO, Y. D.; MARTINS, D. B. **Eletroforese: conceitos e aplicações.** Enciclopédia Brasileira, Goiânia, v. 11, n. 22, p. 1129-1149, dez. 2015.

POWERS, D. A.; LAVERMAN, T.; CRAWFORD, D.; DIMICHELE, L. **Genetic mechanisms for adapting to a changing environment.** *Annual Review of Genetics* 25: 629-659, 1991.

RAVEN, P. H.; EVERT, R. F.; EICHHORN, S. E. *Biologia Vegetal*. 5ª ed. Ed. Guanabara Koogan. Rio de Janeiro, 1992.

REECE, J. B.; URRY, L. A.; CAIN, M. L.; WASSERMAN, S. A.; MINORSKY, P. V.; JACKSON, R. B. *Amplifying DNA: The polymerase chain reaction (PCR) and its use in DNA cloning*. 2011. (10th ed., pp. 414-416). San Francisco, CA: Pearson.

- RICKLEFS, R. E. A **Economia da Natureza**. Ed. Guanabara Koogan. Rio de Janeiro. 1996.
- RIFFEL, A.; DA COSTA, J. G. Os voláteis de plantas e o seu potencial para a agricultura – Aracaju: Embrapa Tabuleiros Costeiros, 2015.
- ROCHA, T. L.; DA COSTA, P. H. A.; MAGALHÃES, J. C. C.; EVARISTO, R. G. S.; VASCONCELOS, E. A. R.; COUTINHO, M. V.; PAES, N. S.; SILVA, M. C. M.; GROSSI-DE-SÁ, M. F. Eletroforese Bidimensional e Análise de Proteomas. Brasília, DF: Embrapa, 2005.
- RUPPERT, E. E.; BARNES, D. R. **Zoologia dos Invertebrados**. 6ª ed. São Paulo: Rocca, 1996. 1029p.
- SHARMA, P.; DAS De, T.; SHARMA, S.; KUMAR MISHRA, A.; THOMAS, T.; VERMA, S.; KUMARI, V.; LATA, S.; SINGH, N.; VALECHA, N. Deep sequencing revealed molecular signature of horizontal gene transfer of plant like transcripts in the mosquito *Anopheles culicifacies*: an evolutionary puzzle. F1000Res. 4, 15231, 2015.
- SIMMS, E. L.; FRITZ, R. S. The ecology and Evolution of host-plant resistance to insects. Trends in Ecology & Evolution, England, v. 5, n. 11, p. 356-360, 1990.
- SPUDEIT, D. A.; DOLZAN, M. D.; MICKE, G. A. Conceitos básicos em eletroforese capilar. **Scientia Chromatographica**, v. 4, n. 4, p. 287-297, 2012.
- SUEKANE, R.; DEGRANDE P. E.; DE LIMA JUNIOR, I. S.; DE QUEIROZ, M. V. B. M.; RIGONI, E. R. **Danos da Mosca-branca *Bemisia tabaci* Genn. (genn.) e distribuição vertical das ninfas em cultivares de soja em casa de vegetação**. DOURADOS, MS, Brasil. Arq. Inst. Biol., São Paulo, v.80, n.2, p.151-158, abr./jun., 2013.
- TEJO, F.; FERNANDES, A.; BURATTO, J. Soja: fenologia, morfologia e fatores que interferem na produtividade. *Revista Científica Eletrônica de Engenharia Florestal*, v. 35, n. 1, p. 1-10, jun. 2019.
- USDA. USDA Foreign Agricultural Service, 2015. Disponível em: <<http://apps.fas.usda.gov/psdonline/>>. Acesso em: 10 abr. 2024.
- VIANA, S. J.; BARBOSA, J. G.; DA SILVA, J. A.; BRITO, T. R. C.; BADJI, C. A. Integração soja e pastagem: **Uma revisão de literatura**. Revisão Bibliográfica. Revista Verde (Pombal - PB - Brasil), VOL. 10., Nº 5 (ESPECIAL), p. 71 - 75, Dez., 2015.
- WATSON, J. D.; CRICK, F. H. C. Molecular Structure of Nucleic Acids: A Structure for Deoxyribose Nucleic Acid. *Nature*, 171(4356), 737-738, 1953.
- 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*. 2021. Disponível em: <<https://10.1016/j.cell.2021.02.014>>. Acesso em: 01 abr. 2024.
- ZAHA, A. **Biologia Molecular Básica**. 2.ed. Porto Alegre: Mercado Aberto, 336p, 2000.