

Resistência de Feijoeiro-Comum à Mosca-Branca Utilizando Silenciamento Gênico por RNA Interferente⁽¹⁾

Amanda Lopes Ferreira², Antonia Lopes de Mendonça Zaidem³, José Francisco Arruda e Silva⁴, José Alexandre Freitas Barrigossi⁵, Francisco José Lima Aragão⁶, Josias Correa de Faria⁷ e Patricia Valle Pinheiro⁸

¹ Pesquisa financiada pela Embrapa Arroz e Feijão e CNPq.

² Engenheira-agrônoma, mestranda em Agronomia da UFG, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

³ Graduada em Agronomia da UFG, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁴ Matemático da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁵ Engenheiro-agrônomo, Ph.D. em Entomologia, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁶ Engenheiro-agrônomo, doutor em Biologia Molecular, pesquisador da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF

⁷ Engenheiro-agrônomo, Ph.D. em Fitopatologia, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

⁸ Engenheira-agrônoma, Ph.D. em Entomologia, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO

Resumo - A transmissão de viroses pela mosca branca, *Bemisia tabaci*, é um dos principais problemas fitossanitários da cultura do feijão-comum, causando perdas significativas de produtividade. O objetivo deste trabalho foi desenvolver linhagens de feijão resistentes à *B. tabaci* através do silenciamento do gene V-ATPase do inseto (Bt-V-ATPase) pela técnica de RNA interferente. Embriões de feijão, cultivar Olathe Pinto, foram transformados com um plasmídeo contendo sequência parcial do gene Bt-VATPase, gerando duas linhagens transgênicas (11.5 e 22.5). Ensaio de mortalidade foram conduzidos com essas linhagens, utilizando duas metodologias. Na primeira, 20 insetos adultos foram mantidos por cinco dias num sistema utilizando tubos Falcon de 50 ml, contendo folhas destacadas das plantas. Na segunda, 20 insetos adultos foram mantidos por sete dias em contato com plantas inteiras, isoladas por gaiolas. As avaliações foram feitas com a contagem de insetos vivos e mortos. A mortalidade de insetos alimentados na linhagem 11.5 não apresentou diferença significativa do controle em nenhuma das metodologias. Entretanto, a linhagem 22.5 apresentou mortalidade média significativamente maior nas plantas transgênicas (97,04%) em comparação com os controles (39%) ($p < 0,05$). Resultados da análise de Northern blot revelaram a presença de bandas de tamanho esperado para a linhagem 22.5 e não para a linhagem 11.5. Análise de expressão gênica por qRT-PCR mostrou que a expressão do gene V-ATPase foi significativamente menor (50%, $p < 0.05$) em insetos que se alimentaram na linhagem 22.5 por 48h, em comparação aos controles.