

Perspectivas moleculares para o controle de *Sitophilus zeamais* com compostos bioativos de origem vegetal

Silva, M. G. G.¹; Lira, T. L. S.²; Oliveira, A. P. S.^{1,2}

¹LIEF, Departamento de Bioquímica, Universidade Federal de Pernambuco, Pernambuco, Brasil; ²BIOPROT, Departamento de Bioquímica, Universidade Federal de Pernambuco, Pernambuco, Brasil.

Introdução: *Sitophilus zeamais* é uma praga de grãos armazenados responsável por impactos econômicos expressivos no setor agrícola. Atualmente, o controle é realizado através de inseticidas sintéticos, cujo uso excessivo e indiscriminado está associado ao desenvolvimento de populações resistentes de *S. zeamais*. Essa problemática exige doses cada vez mais elevadas para alcançar um controle eficaz, o que pode aumentar os riscos de toxicidade residual e de efeitos adversos sobre organismos não alvo, além de intensificar os impactos ambientais. Diante disso, os compostos bioativos de origem vegetal surgem como alternativa mais ecológica, eficaz e segura aos pesticidas sintéticos. Nesse contexto, os estudos transcriptômicos e de proteômica fornecem *insights* sobre as respostas moleculares de adultos de *S. zeamais* expostos a compostos de origem vegetal e identificam alterações nas funções vitais. **Objetivo:** Identificar respostas moleculares de *S. zeamais* expostos a compostos bioativos vegetais através de estudos de transcriptômica e proteômica e elucidar os mecanismos de ação inseticida. **Metodologia:** Foi realizada uma revisão de literatura nas bases de dados PubMed, Scopus e Web of Science, utilizando os descritores e as palavras-chave “*Sitophilus zeamais*”, “transcriptomics”, “proteomics” e “plants”. Foram selecionados 3 artigos internacionais publicados entre 2016 e 2024, com enfoque em análises moleculares. **Resultados:** Os produtos bioativos de origem vegetal identificados nos artigos foram limoneno, óleo essencial de *Melaleuca alternifolia* e terpinen-4-ol, que afetaram vias metabólicas e processos celulares essenciais e, com isso, induziram alterações potencialmente deletérias em *S. zeamais*. O limoneno provocou estresse oxidativo, com aumento da expressão de catalase (CAT) e superóxido dismutase (SOD), além de inibir genes relacionados à biossíntese de lipídeos e ao metabolismo de carboidratos e comprometer a produção energética. A ativação de genes de detoxificação, como citocromos P450 (CYP) e glutatona S-transferases (GSTs), sugere uma resposta adaptativa de *S. zeamais* ao limoneno. Em paralelo, o óleo de *M. alternifolia* interferiu na respiração mitocondrial, bloqueando o fluxo de elétrons na cadeia transportadora e regulando negativamente os genes relacionados aos complexos I, III e IV, o que pode afetar a síntese de ATP. Em soma, o terpinen-4-ol induziu a ativação de proteínas detoxificantes, como CYP6 e GSTs, e reduziu a atividade de enzimas digestivas, prejudicando o metabolismo energético dos insetos. **Conclusão:** As análises transcriptômicas e proteômicas revelam as múltiplas respostas moleculares de *S. zeamais* expostos a compostos bioativos vegetais e, com isso, fornecem novas perspectivas para o controle dessa importante praga agrícola.

Palavras-chave: Gorgulho-do-milho, Controle de pragas, Compostos bioativos, Proteômica, Transcriptômica.