



Review [Revisión]

APLICACIÓN POTENCIAL DEL ANÁLISIS TRANSCRIPTÓMICO EN LOS PLANES DE MANEJO DE INSECTOS PLAGA QUE AFECTAN EL SECTOR AGROPECUARIO DE PANAMÁ †

[POTENTIAL APPLICATION OF TRANSCRIPTOMIC ANALYSIS OF PEST INSECT MANAGEMENT PLANS AFFECTING THE AGRICULTURAL SECTOR OF PANAMA]

Randy Atencio-Valdespino¹, Enrique A. Sánchez-Galán²,
Carlos Ramos-Delgado³ and Aidamalia Vargas-Lowman^{4*}

¹Centro de Innovación Agropecuaria de Divisa (CIAD) del Instituto de Innovación Agropecuaria de Panamá (IDIAP), Ctra. Panamericana, Los Canelos, Santa María, Estafeta de Divisa, 0619 Herrera, Panamá / Sistema Nacional de Investigación (SNI), SENACYT, Panamá. Email: randy.atencio@gmail.com

²Departamento de Desarrollo Agropecuario, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Universidad de Panamá. Ciudad Universitaria - Estafeta Universitaria, apartado 3366, Panamá 4, Panamá. Email: enrique.sanchezg@up.ac.pa

³Departamento de Genética y Biología Molecular de la Universidad de Panamá. Ciudad Universitaria - Estafeta Universitaria, apartado 3366, Panamá 4, Panamá. Email: laito52@gmail.com

⁴Departamento de Genética y Biología Molecular de la Universidad de Panamá / Sistema Nacional de Investigación (SNI), SENACYT, Ciudad Universitaria - Estafeta Universitaria, apartado 3366, Panamá 4, Panamá. Email:

aidamalia.vargas@up.ac.pa

*Corresponding author

SUMMARY

Background. Insect pests, as well as other arthropods, constitute a constant threat to public health and food security and food sovereignty in a country. Although various techniques are currently used for integrated pest management, the search for new management alternatives is constant. In this sense, transcriptome analysis, which consists of the analysis of gene expression profiles of certain living organisms, could provide new alternatives. **Objective.** To determine the potential applications of transcriptomic analysis against insect pests in the agricultural sector in Panama. **Methodology.** The study was developed through the search for relevant information on transcriptome analysis applied within entomology. Search was performed in SciELO (Scientific Electronic Library Online), Dialnet, Web of Science, Springer Link, Ciencia.Science.gov, Scopus, Google Scholar and ERIC (Institute of Education Sciences). **Main findings.** The analysis of transcriptomes is a tool to understand different biological, physiological, and molecular aspects of insects and other arthropods identified as pests in the Republic of Panama that put at risk the agricultural production of the country. **Implications.** Harmful arthropods have become more relevant in recent years due to climate change, invasive species and anthropogenic factors that increase the populations of these pest in Panama. **Conclusion.** The results indicate that transcriptomic analysis generates information about the existence of candidate genes, including those of harmful arthropods and natural enemies as predators, parasitoids and entomopathogenic microorganisms that could be used as targets to reduce the damage caused by arthropods to the agricultural sector. **Key words:** Analysis of transcriptomes; insect pest; agricultural production; integrated management alternatives.

RESUMEN

Antecedentes. Los insectos plaga, así como otros artrópodos, constituyen una amenaza constante para la salud pública, la seguridad y soberanía alimentaria de un país. Aunque diversas técnicas se utilizan en la actualidad para el manejo integrado de plagas, la búsqueda de nuevas alternativas de manejo es constante. En este sentido, el análisis de

† Submitted September 30, 2022 – Accepted June 30, 2023. <http://doi.org/10.56369/tsaes.4557>



Copyright © the authors. Work licensed under a CC-BY 4.0 License. <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>

ISSN: 1870-0462.

ORCID = Randy Atencio-Valdespino: <https://orcid.org/0000-0002-8325-9573>; Enrique A. Sánchez-Galán: <https://orcid.org/0000-0002-9452-8177>; Carlos Ramos-Delgado: <https://orcid.org/0000-0003-2344-9241>; Aidamalia Vargas-Lowman: <https://orcid.org/0000-0001-8093-7159>

transcriptoma, que consiste en el análisis de perfiles de expresión génica de determinados organismos vivos, podría brindar nuevas alternativas. **Objetivo.** Determinar las potenciales aplicaciones del análisis transcriptómico contra insectos plaga en el sector agropecuario en Panamá. **Metodología.** El estudio se desarrolló a través de la búsqueda de información relevante sobre el análisis del transcriptoma aplicado dentro de la entomología. La búsqueda se realizó en SciELO (Scientific Electronic Library Online), Dialnet, Web of Science, Springer Link, Ciencia.Science.gov, Scopus, Google Scholar y ERIC (Institute of Education Sciences). **Principales hallazgos.** El análisis de transcriptomas es una herramienta que permitirá comprender diferentes aspectos biológicos, fisiológicos y moleculares de insectos y otros artrópodos identificados como plagas en la República de Panamá que ponen en riesgo la producción agropecuaria del país. **Implicaciones.** Los artrópodos nocivos han tomado mayor relevancia durante los últimos años debido al cambio climático, las especies invasoras y factores antropogénicos que incrementan las poblaciones de estas plagas en Panamá. **Conclusiones.** Los resultados indican que el análisis transcriptómico genera información acerca de la existencia de genes candidatos, incluyendo los de artrópodos nocivos y enemigos naturales como depredadores, parasitoides y microorganismos entomopatógenos que pudieran ser utilizados como blancos para reducir los daños producidos por los artrópodos al sector.

Palabras clave: Alternativas de manejo integrado; análisis de transcriptomas; insectos plaga; producción agropecuaria.

INTRODUCCIÓN

La transcriptómica es el estudio del transcriptoma, mediante el análisis de los perfiles de expresión génica (Morozova *et al.*, 2009; Meng *et al.*, 2019). Se denomina transcriptoma al conjunto de moléculas de ARN codificante (ARNm) y ARN no codificante (ARNr, ARNt, miARN, ARNpi y lncARN) presentes en una célula o tejido concreto (Cech y Steitz, 2014; Zhao *et al.*, 2017). El ARN (Ácido Ribonucleico) es un tipo de ácido nucleico de una sola hebra, constituido por ribosa, con posibilidad de unirse a cuatro bases nitrogenadas (adenina, uracilo, citosina o guanina) y grupos de fosfato de forma alterna (Gironella, 2010; Lodish *et al.*, 2016).

El ARN desempeña diversas funciones en la célula y es clasificado en diversos tipos (Tabla 1) (Zachau, 1969; Eddy, 2001; Carthew y Sontheimer, 2009; Cech y Steitz, 2014).

El perfil de expresión génica agrupa todos los genes de una célula o tejido que produce ARN total (ARN codificante y ARN no-codificantes) en un determinado momento y condiciones de desarrollo (Instituto Nacional del Cáncer, 2022).

En el caso específico del ARN codificante, este tipo de ARN transporta la información genética necesaria para elaborar proteínas desde el ADN en el núcleo celular hasta el sitio donde se producen las proteínas en el citoplasma, dicho proceso sustenta el hecho que se pueda usar el perfil de expresión génica para encontrar y diagnosticar una enfermedad o afección, o para determinar cómo responde el cuerpo a un tratamiento (Instituto Nacional del Cáncer, 2022).

Los estudios sobre perfiles de expresión pueden dividirse en cinco grupos en función de su finalidad: a) diagnóstico molecular; b) clasificación molecular (estratificación); c) búsqueda de nuevas dianas o blancos

Tabla 1. Glosario de términos asociados a transcriptomas.

| Término | Descripción | Referencia |
|--|--|---|
| ARN mensajero (ARNm) o ARN codificante | Que transfiere información del genoma a la producción de proteínas. | (de Klerk y Hoen, 2015; Liu <i>et al.</i> , 2016; Wang y Farhana, 2022) |
| ARN no-codificantes (ARNnc) | Los ARN no codificante producen moléculas de ARN funcionales en lugar de codificar proteínas. | (Olivas <i>et al.</i> , 1997; Eddy, 2001; Cech y Steitz, 2014) |
| ARN de transferencia (ARNt) | Cumple una función clave en la síntesis proteica. | (Zachau, 1969; Wang y Farhana, 2022) |
| ARN ribosomal (ARNr) | Forma parte de los ribosomas y son esenciales en la síntesis de proteínas. | (Eddy, 2001; Wang y Farhana, 2022) |
| MicroARN (miARN o miR) | Son moléculas pequeñas de ARN no-codificante que regulan la expresión de los ARNm diana, a través de su degradación o inhibición de la traducción. | (Lau <i>et al.</i> , 2001; Carthew y Sontheimer, 2009) |
| ARNpi o ARN de silenciamiento | ARN interferente es un mecanismo de regulación post transcripcional de la expresión génica, altamente conservado entre eucariotas superiores. | (Carthew y Sontheimer, 2009; Burand y Hunter, 2013) |
| lncRNA (ARNs no codificantes largos) | Transcritos de ARN que presentan al menos 200 nucleótidos de longitud. Se piensa que pueden codificar pequeños péptidos. | (Li y Liu, 2019; Mattick <i>et al.</i> , 2023) |

moleculares; d) pronóstico, y e) predicción de la respuesta al tratamiento (Gironella, 2010).

Entre las técnicas, relativamente recientes, utilizadas para el análisis de los perfiles de expresión génica se encuentra el microarreglo (*microarray*) que es un método de alto rendimiento que permite la caracterización de miles de transcritos simultáneamente y consiste en la hibridación del ARN, transformado a cADN (ADN complementario) fluorescente, a un chip que contiene múltiples sondas de cADN correspondientes a los genes de interés; la intensidad de la fluorescencia es proporcional a los niveles de expresión del correspondiente transcrito (Schena *et al.*, 1995; Morozova *et al.*, 2009).

Los *microarrays* fueron muy utilizados durante los años 90, pero su utilización en la identificación de perfiles genéticos decreció en los años 2000, debido al desarrollo de nuevas tecnologías que permitieron la secuenciación masiva de alto rendimiento en conjunto con algoritmos matemáticos que permitieron el análisis y cuantificación de los ARNs presentes en una muestra (Wang *et al.*, 2009, 2019; Zhao *et al.*, 2014; van der Kloet *et al.*, 2020).

La secuenciación de nueva generación (NGS) es una tecnología relativamente nueva, establecida a mediados de la década del 2000, basada en los métodos de secuenciación masiva. La NGS permite obtener la información genética en un individuo, tejido o célula en un determinado momento y en condiciones específicas. Esto trajo como consecuencia la revolución de las “ómicas”. En la actualidad se puede obtener información completa y detallada de genomas (genómica), transcriptomas (transcriptómica) o proteínas (proteómicas), por citar sólo algunos ejemplos (Rubio, *et al.*, 2020).

En el caso particular del análisis de expresión y función de los ARN's, la secuenciación del ARN (RNA- Seq) ha reemplazado tecnologías tales como los *microarrays*, debido a la cantidad de información que se puede generar en un solo experimento, utilizando un solo instrumento (Soto y López, 2012).

En Panamá existe un complejo de plagas de artrópodos que han incrementado el nivel de daño y pérdidas económicas tanto en diversos cultivos, como en el sector pecuario, lo que pone en riesgo la seguridad alimentaria del país. Estas plagas son influenciadas por el cambio climático y factores antropogénicos, y requieren la integración de diversas medidas de manejo (Mora *et al.*, 2010). El presente artículo de revisión de literatura tiene como objetivo identificar las potenciales aplicaciones de la transcriptómica en el estudio de insectos nocivos en el sector agropecuario en Panamá.

MATERIALES Y MÉTODOS

Este estudio corresponde a una investigación del nivel exploratorio, de enfoque cualitativo y utiliza la técnica de investigación documental para la recolección de datos. Utiliza el método analítico-descriptivo para la descomposición y comprensión del problema de investigación, en este caso, la necesidad de identificar las potenciales aplicaciones de la transcriptómica en el sector agropecuario.

La búsqueda documental se basó en el establecimiento de parámetros de búsqueda dentro de las bases de datos seleccionadas, donde se concentró en artículos, series de libros y conferencias, publicados en español e inglés dentro de las bases de datos de SciELO (Scientific Electronic Library Online), Dialnet, Web of Science, Springer Link, Ciencia.Science.gov, Scopus, Google Scholar y ERIC (Institute of Education Sciences), utilizando como parámetro la ruta de búsqueda: TITLE-ABS-KEY (“transcriptomic” OR “transcriptomic analysis in agricultural entomology”) o su equivalente en español (“transcriptoma” OR “análisis transcriptómico en entomología agrícola”, que incluye los documentos en cuyo título, resumen y palabras claves, aparecen los descriptores de interés separados por los conectores “AND”, “OR” o “OF”.

A partir de dichos parámetros, fueron seleccionadas 105 referencias bibliográficas publicadas desde el año de 1969 hasta el 2023. El criterio de inclusión se limitó a temas que trataran sobre el análisis transcriptómico en insectos, específicamente en estudios relacionados dentro del campo de evolución y desarrollo, análisis diferencial de expresión genética en insectos, especialmente aquellos que son plaga e identificación de perfiles genéticos asociados al control biológico de insectos plaga. El criterio de exclusión fue toda la información que tratara sobre estudios generales de transcriptomas en vertebrados, plantas u hongos. Adicionalmente, fueron incluidas 30 referencias bibliográficas, procedentes de las mismas bases de datos evaluadas, solo que este caso de manera exploratoria asociadas a la importancia de los insectos en Panamá que justifican dichos estudios de transcriptómica. El procesamiento de los datos procedentes de las 135 publicaciones se organizó en el programa Microsoft Office Excel®, dispuestos según año y número de publicación. El alcance de dicha metodología buscó compilar información relacionada a insectos y al análisis de transcriptomas con el potencial de ser aplicados en Panamá, para lograr el objetivo del presente trabajo.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El término “transcriptoma” es utilizado para indicar el conjunto de transcritos presentes en un tipo celular en

un momento del desarrollo y/o en una condición fisiológica dada (Ruan *et al.*, 2004).

Este término fue propuesto por primera vez en 1997, donde mencionan: “A diferencia del genoma, que es esencialmente estático, el transcriptoma puede ser modulado por factores internos y externos [y] sirve así de vínculo dinámico entre el genoma de un organismo y sus características físicas” (Velculescu *et al.*, 1997).

Métodos utilizados para realizar análisis transcriptómicos

Se han establecido varios métodos para el análisis de transcriptomas. Entre los clásicos podemos mencionar el Northern Blot (visualización de un transcrito por hibridación con DNA sonda de ADN complementario (cDNA) radiomarcado en una membrana a la que se han transferido los ARN o RT-PCR (Retro-transcriptase Polymerase Chain Reaction). Este método permite estudiar la expresión de uno o algunos genes dentro de una serie de muestras (Wang y Pestov, 2016).

En las últimas décadas se han desarrollado técnicas más completas de análisis del transcriptoma (Wang *et al.*, 2009; Zhao *et al.*, 2014; van der Kloet *et al.*, 2020). El SAGE (Serial Analysis of Gene Expression) se basa en la secuenciación de concatenados de cDNA (Tuteja y Tuteja, 2004). Esquemáticamente, el conjunto de los mRNAs unidos por la cola de Adeninas a Timinas en un soporte son utilizados para sintetizar cDNAs (Yamamoto *et al.*, 2001). Los cDNAs se digieren con enzimas de restricción que produce extremos cohesivos a los cuales se unen uno de dos tipos de “linkers” que contienen una secuencia que actúa como cebador para la amplificación y una de reconocimiento (Yamamoto *et al.*, 2001). Los cDNAs se remueven del soporte mediante digestión con una enzima que produce pequeñas etiquetas (tags) con extremos cohesivos (Ye *et al.*, 2002), donde los extremos cohesivos de diferentes cDNAs se unen en presencia de ligasa para generar un fragmento formado por dos cDNAs denominado “Ditag”. Los Ditags son amplificados y digeridos con la enzima de restricción que reconoce la secuencia presente en el “linker”, tomando en cuenta que los Ditags se unen por los extremos cohesivos generando un concatenado de cDNA de gran tamaño; el cual es clonado y secuenciado (Ye *et al.*, 2002). Las secuencias generadas son utilizadas para identificar cada transcrito (tag) mediante homología con las bases de datos y determinar la expresión y los niveles de expresión (Velculescu *et al.*, 1995; Madden *et al.*, 2000).

Los microarreglos (*microarray*) fue inicialmente una de las técnicas más utilizadas previo al advenimiento del NGS debido a que permitió realizar el análisis de

un gran número de genes expresados en el genoma (Brown y Botstein, 1999; Harrington *et al.*, 2000). Esta técnica consiste en la hibridación molecular de un transcrito dado con la correspondiente secuencia de ADN presente en una sonda de cDNA o “chips” marcada con fluorocromos o biotina (Schena *et al.*, 1995).

Aproximadamente una década más tarde, con la emergencia de la secuenciación por síntesis de alto rendimiento (*High throughput sequencing-by-synthesis*), muchos laboratorios cambiaron el uso de los microarreglos por la secuenciación del ARN (RNA-Seq), debido a que esta nueva tecnología permite la lectura rápida de millones de bases en una sola corrida (Rai *et al.*, 2018; Rao *et al.*, 2019).

Las aplicaciones del análisis de transcriptomas

El análisis general de un transcriptoma permite establecer un perfil de expresión de todos los genes de una muestra en particular (tejido, tipo de células y más recientemente células individuales) en un momento determinado y en condiciones fisiológicas específicas que, permite comparar el perfil genético de varias muestras (Munro y Perreau, 2009; Horta *et al.*, 2023).

Las aplicaciones del análisis transcriptómico han estado asociadas a estudios cualitativos para la identificación de genes isomorfos y en análisis cuantitativos para estimar la expresión génica. En medicina, el análisis transcriptómico es utilizado en el diagnóstico de enfermedades humanas, descubrimiento y validación de biomarcadores (sustancias que indican un estado biológico), identificación de genes, efecto de drogas, entre otras (Munro y Perreau, 2009; Guo *et al.*, 2021; Horta *et al.*, 2023).

En el ámbito de la Oncología, el análisis transcriptómico ha sido utilizado para identificar marcadores específicos de cada tipo de tumor debido a que se pueden establecer los perfiles de expresión génica y de miARN en diferentes patologías (Yeoh *et al.*, 2002; Ergin *et al.*, 2022). Por otra parte, el análisis comparativo del transcriptoma permite determinar los genes cuya expresión varía de una muestra a otra (expresión diferencial), por ejemplo, en un caso patológico (Guennewig *et al.*, 2021), o en respuesta a una droga (Neary *et al.*, 2021; Chengalvala *et al.*, 2007; Wu *et al.*, 2022).

El análisis transcriptómico no ha estado limitado sólo al ámbito de las enfermedades humanas, más bien se ha observado un incremento en la aplicación en otras áreas de investigación (Tabla 2). Por ejemplo, en el estudio de interacciones planta- patógeno y perfiles transcriptómicos en fitopatógenos donde se aplica la tecnología RNA-seq (Soto y López, 2012).

El conocimiento generado por el RNA-seq contribuye a la identificación de nuevos genes blancos o dianas para uso en edición genética como también en la búsqueda de perfiles genéticos que se traduzcan en el desarrollo de plantas resistentes a patógenos (Jaiswal *et al.*, 2019; Bashir y Hanif, 2021; Ghimire *et al.*, 2022). Además, la secuenciación directa de ARN es uno de los mayores retos en el área de la fitopatología. Desde hace una década, se ha utilizado la transcriptómica para profundizar en el entendimiento de las complejas interacciones planta-patógeno, así como revelar eslabones moleculares involucrados que no habían logrado ser revelados (Soto y López, 2012).

Aplicaciones del análisis transcriptómico en la entomología

La entomología se encarga del estudio de los insectos, desde diversos aspectos que van desde la entomología médica hasta la entomología agrícola, considerando esta última todos aquellos aspectos biológicos y económicos que conllevan daños causados por insectos plagas a cultivos o rubros agrícolas de importancia (Zenner, 2017).

En general, los análisis entomológicos moleculares están enfocados al estudio del material genético. Las técnicas moleculares se utilizan como una alternativa rápida y fiable para la identificación morfológica tradicional (Gilarriortua *et al.*, 2015). Además, la biología molecular moderna ha logrado el desarrollo e incorporación de nuevas técnicas, como la pirosecuenciación, el análisis de las curvas de disociación de alta resolución (HRM) o la secuenciación a gran escala (NGS) donde el análisis transcriptómico tiene mucho potencial de desarrollo en la actualidad y en el futuro (Castro, 2018; Shelomi, 2020).

Específicamente, el campo de la transcriptómica puede proporcionar datos funcionales que respondan preguntas mucho más allá de las que pueden responderse solamente a través del análisis genómico. Su amplia utilidad permite conocer aspectos asociados al crecimiento, evolución, desarrollo y sobrevivencia de los insectos, que incluyen aspectos tan básicos como la expresión de genes que responden al estrés por calor u otros factores ambientales bióticos y abióticos (García Reina, 2020; Shelomi, 2020).

Estudios de diversidad y biología evolutiva del desarrollo

Los insectos semiacuáticos (Hemiptera: Gerromorpha) son un modelo emergente interesante para comprender la evolución de los genes relacionados con la diversidad y el desarrollo. A lo largo de la evolución, los insectos semiacuáticos desarrollaron características morfológicas que les permitieron adaptarse a sobrevivir en la superficie de casi todos los ambientes acuáticos, desde ríos, lagos, estanques, estuarios, manglares y océanos (Andersen, 1982).

La mayoría de los organismos que no son modelos biológicos por excelencia, como es el caso de los insectos semiacuáticos, carecen en su mayoría de un genoma de referencia con el cual se pueda determinar la función de los genes. En estos casos, la construcción de un transcriptoma sirve como herramienta para la búsqueda de genes ortólogos de interés, utilizando como base el genoma de organismos modelos como, por ejemplo; la identificación de las bases genéticas de la pigmentación de los embriones de la especie *Limnogonus franciscanus* (Stål) (Hemiptera: Gerridae) (Vargas-Lowman *et al.*, 2019).

Tabla 2. Ejemplos de áreas de investigación donde se aplica el análisis transcriptómico.

| Área de investigación | Detalle | Referencia bibliográfica |
|--|--|--|
| Biología molecular | Permite conocer las moléculas funcionales de RNA producto de la expresión de genes en una célula | (Bermudez-Santana, 2011; Blumenberg, 2019) |
| Transcriptoma espacial | Expresión de genes en tipos de células individuales | (Chambers <i>et al.</i> , 2019; Adil <i>et al.</i> , 2021) |
| Salud humana | Enfermedades entre las cuales incluye patologías musculares, aneurisma intracraneal, biomarcadores para la detección de cáncer (Oncología) y neurociencias | (Munro y Perreau, 2009; Blumenberg, 2019; Guo <i>et al.</i> , 2021) |
| Comportamiento social | Expresión del comportamiento | (Lim y Mathuru, 2020) |
| Entomología | En manejo integrado de plagas, perspectiva de la ecología y evolución, genes resistentes a insecticidas | (Connahs <i>et al.</i> , 2016; Shelomi, 2020; Jockusch y Fisher, 2021) |
| Botánica | Plantas medicinales | (Tripathi <i>et al.</i> , 2016; Guo <i>et al.</i> , 2021) |
| Agronomía y zootecnia (ciencias agrícolas) | Adaptación a estrés abiótico, genes de regulación de estrés abiótico y biótico, etcétera | (Korb <i>et al.</i> , 2015; Meng <i>et al.</i> , 2019) |

En el estudio con *L. franciscanus* se utilizaron las secuencias de genes ortólogos de la vía de pigmentación de los ojos en *Drosophila melanogaster* Meigen (Diptera: Drosophilidae) para la identificación de los genes vinculados en la pigmentación embrionaria, identificando la coevolución de estos genes entre especies distantes. Además, con la construcción del transcriptoma de varias especies de insectos semiacuáticos basales y derivados se infirió que la vía metabólica involucrada en la pigmentación de los embriones se mantuvo sin modificaciones a pesar de la variabilidad fenotípica y una distancia evolutiva de aproximadamente 200 millones de años de evolución (Vargas-Lowman *et al.*, 2019).

Otro estudio que ejemplifica la utilidad de los transcriptomas para comprender la trayectoria evolutiva y diversificación de un grupo es el realizado por Armisen *et al.* (2022), en donde, por medio de la elaboración y análisis de transcriptomas de 97 especies de insectos semiacuáticos, se construyó una nueva filogenia para este grupo. Con este trabajo se resolvió la inconsistencia de la ubicación y ambigüedad en la relación de algunos taxa, la nueva filogenia generada a partir de los datos transcriptómicos constituye un recurso altamente valioso, haciendo de Gerromorpha un modelo atractivo para estudiar la evolución de caracteres morfológicos y fisiológicos (Damgaard, 2008, 2012; Armisen *et al.*, 2022).

Entre los insectos semiacuáticos, existe un género que se caracteriza por el engrosamiento del fémur de las patas traseras de los machos. Un estudio de comportamiento demostró que este carácter está relacionado con el éxito de los machos durante la cópula. Sin embargo, las hembras a lo largo de la evolución han desarrollado una espina dorsal y abdomen más delgado para forcejear y evitar la copula con el macho, identificándose estos caracteres como sexualmente antagónicos (Crumière *et al.*, 2019). Para poder identificar señales de la carrera armamentística evolutiva entre los sexos en el Género *Rhagovelia*, se analizaron los patrones filogenéticos de correlación de la complejidad fenotípica de macho versus hembra en términos de rasgos secundarios sexualmente antagónicos por medio de la reconstrucción filogenética. En la reconstrucción se utilizaron marcadores moleculares provenientes de los transcriptomas de nueve especies del género *Rhagovelia*. Este trabajo reveló que las interacciones sexuales y la selección natural pudieron haber dado forma a la coevolución de rasgos antagónicos específicos del sexo (Crumière *et al.*, 2019; Tosto *et al.*, 2023).

El transcriptoma también puede servir para la identificación de nuevos genes (Yang *et al.*, 2015; Van Oss y Carvunis, 2019). Por medio del análisis diferencial de expresión genética, se identificó el

origen evolutivo y genético de una estructura morfológica únicamente identificada en insectos semiacuáticos del género *Rhagovelia*, denominada “abanico propulsor” (Santos *et al.*, 2017). Estos investigadores descubrieron que dos genes restringidos por taxones (*geisha* y *mother-of-geisha*), controlan específicamente el desarrollo del “abanico propulsor”. Se determinó que *geisha* se originó a través de un evento de duplicación en la base del linaje de *Rhagovelia* (Santos *et al.*, 2017).

En conclusión, estos trabajos demuestran que la construcción de transcriptomas en organismos modelos emergentes ha contribuido a comprender la evolución de muchos de los caracteres asociados a la adaptación y diversidad en organismos biológicos poco comunes en investigación.

Por otro lado, los análisis transcriptómicos también pueden ser utilizados para obtener los perfiles de expresión genética durante diferentes estadios del desarrollo en especies de insectos plagas de importancia económica, con el interés de identificar genes candidatos para implementar técnicas de atenuación o bloqueo genético para el control de dichas especies.

Análisis transcriptómico del microbiota del aparato digestivo en insectos

El microbiota intestinal de los insectos ha pasado a ser foco de estudio debido al rol que juega en el aporte de ciertas características vitales del hospedador (Strano *et al.*, 2018). La dieta es el factor más importante que puede alterar rápida y significativamente la relación entre el insecto huésped y el microbiota intestinal. La dieta también puede tener efectos a corto y largo plazo en la comunidad microbiana intestinal, asociaciones taxonómicas y funcionales o como indicador para demostrar la plasticidad del microbiota intestinal (Mason *et al.*, 2020).

El cogollero del maíz, *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith) (Lepidoptera: Noctuidae) es una de las plagas de mayor importancia agrícola en el mundo (Montezano *et al.*, 2018; Kushwaha, 2022). Recientemente, se han realizado estudios sobre las asociaciones insecto-microbio y el microbiota del intestino (Nagoshi *et al.*, 2020).

Con los avances en las tecnologías de secuenciación de última generación, los estudios del microbioma intestinal en larvas de *S. frugiperda* han aumentado en los últimos años (Han *et al.*, 2023; Chen *et al.*, 2021). Por ejemplo, se han reportado estudios sobre los efectos de la soja y el maíz en las comunidades bacterianas del intestino medio de las larvas de *S. frugiperda* (Jones *et al.*, 2019). Por su parte, Han y colaboradores publicaron una investigación que

muestra los diversos mecanismos de adaptación de *S. frugiperda* y diversas plantas hospederas. En este estudio se secuenció la subunidad 16S rRNA (ARN ribosomal) con el objetivo de analizar la diversidad y estructura de las bacterias intestinales de esta plaga alimentándose de seis dietas (maíz, trigo, arroz, flores de madreleña, hojas de madreleña y ñame) (Han *et al.*, 2023). Los resultados mostraron que las larvas alimentadas con arroz tenían la mayor riqueza y diversidad bacteriana, mientras que las larvas alimentadas con flores de madreleña tenían la menor abundancia y diversidad de comunidades bacterianas intestinales (Han *et al.*, 2023). Estos estudios proporcionan una nueva dirección para mejorar las estrategias de manejo de plagas polífagas, brindando base teórica para aclarar el mecanismo de adaptación de los huéspedes de *S. frugiperda* (Yuning *et al.*, 2022; Wang *et al.*, 2023).

Las plantas y los insectos han convivido desde hace más de 350 millones años, desarrollando estrategias para evitar los sistemas de defensa del otro (Hare, 2010). Entre las defensas directas de las plantas contra los insectos están la protección mecánica o la producción de productos químicos tóxicos como terpenoides, alcaloides, antocianinas, fenoles y quinonas) que matan o retardan el desarrollo de los insectos (Zavala, 2010). Castro realizó el análisis de transcriptomas en intestinos de larvas de quinto estadio expuestas a una planta tóxica para identificar genes candidatos para su control por medio de la técnica de ARN de interferencia (ARNi). Entre los aportes más relevantes de este estudio se pueden mencionar la identificación de nuevos genes vinculados con la detoxificación y otros relacionados con la protección de la larva contra los compuestos tóxicos producidos por las plantas (Castro, 2018).

Análisis de transcriptomas y otras aplicaciones en identificación de genes para el control de insectos

Los pulgones (Hemiptera: Aphididae) han sido también modelos utilizados para comprender las bases genéticas del efecto del fotoperiodo y caracterización de los elementos del reloj circadiano (Cortés *et al.*, 2008; Williams *et al.*, 2009; Collantes-Alegre *et al.*, 2018). En pruebas realizadas sobre el pulgón *Acyrtosiphon pisum* Harris (Hemiptera: Aphididae) con el uso del análisis transcriptómico, se determinó un total de 551 secuencias del pulgón *A. pisum* correspondientes a genes probablemente regulados por el fotoperiodo, de ellas, 316 corresponderían potencialmente a genes sobre expresados bajo condiciones de fotoperiodo corto, y 235 a genes reprimidos en esas mismas condiciones (Cortés, 2010).

La aplicación del análisis transcriptómico en el ámbito agrícola no solo se han enfocado en los insectos plagas, sino también en organismos biológicos que pueden

considerarse enemigos naturales o fungir como insecticidas biológicos, como los hongos entomopatógenos y otros organismos nocivos a los insectos y en muchos casos a otros artrópodos nocivos (Zambrano, 2002). Sobre todo, estudios que incluyen la relación del hongo entomopatógeno con insectos plagas que ayudan a comprender aspectos intrínsecos de los hongos entomopatógenos. En estos estudios se demostró la existencia de factores como estrés por ambientes adversos y respuesta de defensa por los insectos hospederos del hongo, los cuales pueden ser estudiados durante la aplicación de agentes biológicos fúngicos como *Beauveria bassiana* (Bals. -Criv.) Vuill, un agente utilizado en programas de biocontrol de insectos plagas (Wang *et al.*, 2017; Lee *et al.*, 2018).

Como ejemplo de aplicaciones del análisis del transcriptoma, se ha comparado el transcriptoma del hongo entomopatógeno *B. bassiana* en el genoma global bajo diversas condiciones de estrés de fase estacionaria, incluidas las tensiones osmóticas, de alta temperatura, de agente perturbador de la pared celular y oxidativas, donde las condiciones de estrés causaron una serie de respuestas de transcripción, que a su vez estuvieron involucradas en el metabolismo basal, la construcción de la pared celular, la respuesta al estrés o el rescate/desintoxicación celular, la transducción de señales y la transcripción de genes (He *et al.*, 2018).

Ejemplos de artrópodos nocivos en Panamá donde el análisis transcriptómico podría ser aplicado

Las aplicaciones del análisis transcriptómico, a través de las técnicas tradicionales y de nueva generación, pueden ser utilizadas en Panamá para brindar alternativas de conocimiento dentro de programas de manejo integrado de determinados insectos nocivos, desde el punto de vista de la salud, agrícola, pecuario y otros ámbitos de la ciencia y la sociedad.

En la siguiente sección se mencionan algunas especies que son problemas en Panamá, las medidas de control aplicadas en la región y las alternativas de control y manejo propuestas, basadas en el análisis transcriptómico para la identificación de genes candidatos.

Mosquitos: estudios sobre especies de mosquitos *Aedes aegypti* (L.) (Diptera: Culicidae) y *Aedes albopictus* (Skuse) (Diptera: Culicidae) vectores de virus tales como el virus del dengue (DENV), el virus del chikungunya (CHIKV), virus de la fiebre amarilla (YFV), fiebre por virus Zika (ZIKAV), entre otros (Mendez-Rios *et al.*, 2015).

El control de estos mosquitos se ha centrado en el establecimiento de un esfuerzo de saneamiento general con la eliminación del hábitat del mosquito con la

participación comunitaria, la utilización de barreras estructurales y el control de etapas larvales y adultas (Sutter, 2005; Rodríguez-Cruz, 2022;). No obstante, recientemente el análisis transcriptómico ha sido utilizado para determinar el perfil de expresión génica de *A. aegypti* en respuesta a la infección del virus de Zika (Etebari *et al.*, 2017) y del virus de dengue (Li *et al.*, 2020).

El gusano barrenador del ganado: *Cochliomyia hominivorax* (Coquerel) (Diptera: Calliphoridae) es un insecto desagradable y perjudicial que causa miasis y puede conducir a la muerte del animal afectado. Es una plaga que genera pérdidas millonarias en el sector pecuario (Leopold, 2007; Grisi *et al.*, 2014). La estrategia de control y erradicación utilizada es por medio del uso de la técnica de insecto estéril (SIT, por sus siglas en inglés) (Forero y Villamil, 2007; Mendes-de-Almeida *et al.*, 2007; Forero *et al.*, 2008).

Por medio de la secuenciación del ARN ha sido posible la identificación y caracterización de microRNAs en dos moscas del gusano barrenador estrechamente relacionadas con diferentes hábitos alimenticios: *C. hominivorax* (parásito obligado de vertebrados de sangre caliente) y *Cochliomyia macellaria* (F.) (Diptera: Calliphoridae) (parásito no obligado) (Paulo *et al.*, 2019). En la actualidad existe un genoma publicado de la especie *C. hominivorax* e información sobre genes expresados muy temprano en el desarrollo que son utilizados en la creación nuevas cepas transgénicas de esta plaga (Concha *et al.*, 2016, 2020; Scott *et al.*, 2020).

Trips: Entre las plagas de mayor importancia denominadas como trips, se encuentra *Thrips palmi* (Karny) (Thysanoptera: Thripidae), asociado al cultivo de cucurbitáceas en Panamá (Barba y Suris, 2015).

Los trips además de los daños directos en cultivos, causan daños indirectos por ser una especie vectora de Tospovirus de diversas familias de plantas cultivadas tales como: melón, sandía, pepino y zapallo. Además de un amplio rango de otras plantas que incluye la familia Solanaceae (Barba y Suris, 2015).

La especie *T. palmi* es polífaga por lo cual en Panamá se han implementado una serie de medidas que incluyen prácticas agronómicas y de manejo agroecológico. Ejemplo: encamado, acolchado, manejo de las fechas de siembra, densidad de siembra, cultivares, manejo de la semilla en campo, barreras de contorno, insecticidas selectivos, uso de trampas de colores, eliminación de residuos de cosecha, rotación de cultivos, entre otras medidas (Barba y Suris, 2015).

En cuanto a los estudios a nivel de análisis transcriptómicollevados a cabo, se puede mencionar los realizados en Australia. Se determinaron los efectos

potenciales de CaCV (*Capsicum Chlorosis Virus*) en *T. palmi* y los métodos de transmisión de los virus asociados (Widana *et al.*, 2018). El estudio de Widana y colaboradores generó el primer transcriptoma del género *Thrips* y proporcionó datos importantes para ampliar nuestra comprensión de las redes de interacciones moleculares entre los trips y los Tospovirus.

Las termitas: aunque desde el punto de vista ecológico cumplen un papel importante como descomponedores de madera y otros materiales de origen vegetal, aportando de manera positiva dentro de los ciclos biogeoquímicos, en el reciclaje de nutrientes y en el mejoramiento de las propiedades del suelo; también tienen un importante impacto económico, asociado al daño que ocasionan en viviendas con estructura de madera, mobiliario y colecciones de libros o pintura (Malpica *et al.*, 2010; Ahmad *et al.*, 2021; Atencio *et al.*, 2021a).

En la actualidad, aunque el manejo de las termitas de interés económico se basa en el control químico, la implementación de alternativas de control biológico como el uso de hongos entomopatógenos, se ha integrado dentro de los planes de manejo. Por ejemplo, el uso de *Metarhizium* sp. sobre termiteros *Nasutitermes corniger* (Motschulsky) (Isoptera: Termitidae) en árboles maderables como la teca (*Tectona grandis* L.) (Salas-Acuña, 2005).

El análisis transcriptómico aplicado a las termitas ha sido dirigido a estudios sobre el sistema digestivo de especies tales como *Coptotermes formosanus* con el objetivo de revelar el mecanismo efectivo de degradación de la biomasa de la madera (Geng *et al.*, 2018).

El psílido asiático: *Diaphorina citri* Kuwayama (Hemiptera: Liviidae) es un vector de la bacteria *Candidatus Liberibacter asiaticus* (Clas) causante de la enfermedad de Huanglongbing (HLB) en plantaciones de cítricos. Las medidas de manejo fitosanitaria de la enfermedad HLB incluyen la eliminación de los árboles infestados, el control del vector y el establecimiento de un programa de certificación de viveros de cítricos (Alquézar *et al.*, 2021).

Orientado al estudio de la especie *D. citri*, se han realizado estudios de transcriptoma asociados al intestino medio del insecto que exhibe una importante barrera de tejidos contra la infección por la bacteria *Candidatus Liberibacter asiaticus*. En un estudio llevado a cabo en el 2020, se identificaron 778 genes expresados diferencialmente (DEG) en el intestino medio tras la infección por la bacteria. El análisis de anotación funcional mostró que estos DEG estaban asociados con la ubiquitinación, la respuesta inmune, el ribosoma, la endocitosis, el citoesqueleto y la

resistencia a los insecticidas (Yu *et al.*, 2020). El análisis de enriquecimiento de KEGG reveló que la mayoría de los DEG estaban principalmente involucrados en la endocitosis y el ribosoma. Un total de catorce DEG se validaron mediante PCR cuantitativa de transcripción inversa (RT-qPCR). Este estudio contribuirá a la comprensión de la interacción molecular entre Clas y *D. citri* (Yu *et al.*, 2020).

Ácaros fitófagos: ácaros fitófagos en arroz (*Oryza sativa* L.) incluyendo el ácaro del arroz *Steneotarsonemus spinki* Smily (Acari: Tarsonemidae) constituyen una de las principales plagas artrópodas en el cultivo de arroz en Panamá, afectando los componentes de rendimientos de diversas variedades de arroz (Quirós-Mcintire y Camargo-Buitrago, 2011).

Las principales medidas dentro del manejo integrado del ácaro del arroz incluyen: cultural (manejo de densidad de plantas o el espaciamiento entre plantas al momento de la siembra del arroz), control fitogenético (con el uso de variedades resistentes o tolerantes frente a la plaga), control biológico (con el uso de ácaros depredadores y hongos) y control químico (se han utilizado insecticidas sistémicos, pero muchos no han logrado un control sostenible) (Organismo Internacional Regional de Sanidad Agropecuaria, 2017).

Estudios de análisis proteómico han sido utilizados para identificar 195 proteínas diferentes cuando se han comparado especies de arroz africano susceptible (*Oryza barthi* A. Chev.) y arroz tolerante (*Oryza sativa* cv. Nipponbare) infestados por el ácaro *Shizotetranychus oryzae* Rossi de Simons (Acari: Tetranychidae) (Buffon *et al.*, 2021). Estos estudios han revelado que *O. barthi* presenta un arsenal antioxidante menos abundante y es incapaz de modular las proteínas involucradas en el metabolismo general y la producción de energía en condiciones de infestación, además que Nipponbare presenta una gran abundancia de sustancias relacionadas con la desintoxicación (Buffon *et al.*, 2021). En condiciones de infestación, Nipponbare presenta niveles más altos de prolina y una mayor abundancia de proteínas relacionadas con la defensa, como la osmotina, la ricina B-like lectina e inhibidores de la proteasa (IP), que son proteínas diferencialmente abundantes que pueden ser utilizadas como herramientas biotecnológicas en programas de mejoramiento dirigidos a aumentar la tolerancia a infestación de ácaros (Buffon *et al.*, 2021).

Moscas de la fruta: género *Anastrepha* (Diptera: Tephritidae) en árboles frutales, incluyendo *Anastrepha ludens* (Loew) en mango (Alvarado-Gálvez y Medianero, 2021). Entre las medidas de manejo que se han instaurado en Panamá se incluyen el uso de trampas (McPhail de vidrio, Multilure de plástico y trampas de botellas de soda de plástico). A

las trampas se les colocan diferentes atrayentes que incluyen diferentes proporciones de proteína líquida, cebada, bórax, melaza, torula, urea, acetato de amonio, putrescina, trimetilamina, conteniendo dentro del cebo propileno glicol 10% + Spintor 12 SC. Las trampas preparadas son colocadas en zonas boscosas con árboles de mango (*Mangifera indica* L.), carambola (*Averrhoa carambola* L.), guanabana (*Annona muricata* L.), caimito (*Chrysophyllum cainito* L., *Pouteria* sp.), Guaba (*Inga* sp.) y nance (*Byrsonima crassifolia* [L.]), entre otras plantas (Rodríguez, 2010).

En general, el manejo de las moscas de las frutas entre otras medidas incluye el control mecánico (recolección y destrucción de frutos dentro de una fosa aplicando cal), control químico (con el uso de cebos selectivos) y control cultural (actividades de barbecho y rastreo del suelo para que las larvas y pupas queden expuestas a condiciones ambientales y a los enemigos naturales) (Silva *et al.*, 2019; Stupp *et al.*, 2021).

Diversos trabajos sobre análisis transcriptómico se han efectuado sobre especies del género *Anastrepha*, como el caso de *Anastrepha obliqua* (Macquart), una mosca que se alimenta de frutos de plantas de diferentes especies y causa pérdidas económicas en el continente americano, para lo cual se obtuvo el primer microtranscriptoma y se determinó sus niveles de expresión y posibles ARNm en las larvas de tercer estadio (Lemos-Lucumi *et al.*, 2022).

En el estudio de análisis transcriptómico sobre *A. obliqua* se identificaron un total de 116 microARN, de los cuales 37 eran completamente nuevos. Otros cincuenta y cuatro microARN expresados en todas las larvas, independientemente de la fruta, mientras que 44 se detectaron en larvas que se alimentaban de una fruta específica (Lemos-Lucumi *et al.*, 2022). A través de la atenuación por medio de ARNpi se logró también identificar genes importantes vinculados en el desarrollo, la alimentación y la desintoxicación de las larvas (Lemos-Lucumi *et al.*, 2022).

Otras especies dentro del género *Anastrepha*, tales como *Anastrepha fraterculus* (Wiedemann), que es considerada plaga cuarentenaria en varios países de América, ha sido objeto de trabajos de transcriptoma para obtener una evaluación inicial de genes asociados con las principales rutas metabólicas, mediante el análisis de expresión de transcritos específicos identificados en embriones y adultos (Scannapieco *et al.*, 2020). Los resultados obtenidos en este estudio amplían significativamente el espacio genético disponible de *A. fraterculus*, lo que contribuye la construcción de una base de datos de transcripción bastante completa de embriones y adultos, en donde el análisis de expresión de los genes candidatos seleccionados, junto con un conjunto de marcadores de microsátélites, proporcionan un recurso valioso para

una mayor caracterización genética de *A. fraterculus* y apoya el desarrollo de estrategias específicas de control genético.

Finalmente, se presenta un listado de especies de insectos plagas de relevancia en Panamá, las cuales también podrían ser utilizadas en estudios transcriptómicos. El análisis transcriptómico puede brindar alternativas para comprender elementos biológicos básicos para su manejo, considerando que en la actualidad existen programas de manejo integrado para el control sus poblaciones.

- Barrenadores del tallo de caña de azúcar (Barrenador del tallo [*Diatraea tabernella* (Dyar) (Lepidoptera: Crambidae)], barrenador mayor del tallo [*Telchin licus* (Drury) (Lepidoptera: Castniidae)], barrenador menor del tallo [*Elasmopalpus lignosellus* (Zeller) (Lepidoptera: Pyralidae)]) (Atencio *et al.*, 2021b).
- Gusano cogollero en maíz (*Spodoptera* spp. [Lepidoptera: Noctuidae]) (EPPO, 2022).
- Polilla del tomate (*Tuta absoluta* [Meyrick] [Lepidoptera: Gelechiidae]) (Chang y Metz, 2021).
- Áfidos (Hemiptera: Aphididae) que habitan plantas cultivadas o silvestres en tierras altas y bajas (Quiros y Emmen, 2006).
- Picudo del pifá (*Palmelampus heinrichi* O'Brien [Coleoptera: Curculionidae]) (Atencio *et al.*, 2021c).
- Broca del café (*Hypothenemus hampei* Ferrari [Coleoptera: Curculionidae]) (Lezcano *et al.*, 2015).
- Chinche de la viruela en la yuca (*Cyrtomenus bergi* Froeschner [Hemiptera: Cydnidae]) (Barba *et al.*, 2009).
- Langostas en cultivos varios (*Schistocerca pallens* [Thunberg] [Orthoptera: Acrididae]) (Inestroza, 2023).
- La polilla de los zapallos (*Diaphania hyalinata* [L.] [Lepidoptera: Crambidae]) (Korytkowski, 2003).

CONCLUSIONES

El manejo de diversas especies de insectos y otros artrópodos plaga en la producción agropecuaria es de gran importancia para la seguridad, soberanía alimentaria, y la salud pública de Panamá. A pesar de que existen programas de manejo integrado de plagas, algunos de estos programas están perdiendo su eficacia, principalmente, por las consecuencias del cambio climático y demás factores antropogénicos que benefician la evolución y la resistencia de estas especies nocivas.

Esta situación obliga a la comunidad científica a la búsqueda constante de nuevas alternativas que puedan contribuir a identificar elementos claves para el

manejo de artrópodos nocivos para el agro. En este sentido, el análisis transcriptómico aporta una serie de elementos biológicos que contribuyen al conocimiento de los perfiles de expresión génica, los cuales pueden ser aprovechados para determinar factores que afecten la viabilidad de estos artrópodos y brindar ventajas a sus enemigos naturales. Además, el conocimiento de los perfiles de expresión puede favorecer al establecimiento de medidas de control más eficaces en el marco de la sostenibilidad.

Agradecimientos

Los autores agradecen a la Universidad de Panamá y a la Dirección del Instituto de Innovación Agropecuaria de Panamá (IDIAP). El presente artículo fue redactado dentro del marco del proyecto de investigación “Estructura poblacional y análisis transcriptómico del sistema reproductor de la termita *Nasutitermes corniger* (Isoptera)” con código FIED22-03 auspiciado por la SENACYT (Secretaría Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación) de Panamá dentro de la Convocatoria Pública de Fomento a I+D para Egresados de Estudios de Doctorado (FIED). Los autores Aidamalia Vargas-Lowman y Randy Atencio-Valdespino son apoyados con fondos del Sistema Nacional de Investigación (SNI) de la SENACYT de Panamá.

Funding. This study was funded by SNI – SENACYT grant Fomento A I+D para Egresados de Estudios de Doctorado (FIED22-03).

Conflict of interest. The authors declare that they have no conflict of interest in carrying out the research work from which they derived the data used.

Compliance with ethical standards. Does not apply.

Data availability. The data are available in the cited literature.

Author contribution statement (CRediT). **R. Atencio-Valdespino** – Conceptualization, supervision of manuscript, writing review and editing., **E. A. Sánchez-Galán** - Conceptualization and writing review., **C. Ramos-Delgado** - Conceptualization and writing review., **A. Vargas-Lowman** - Conceptualization, supervision of manuscript, writing review and editing.

REFERENCIAS

- Adil, A., Kumar, V., Jan, A. T. and Asger, M., 2021. Single-Cell Transcriptomics: Current Methods and Challenges in Data Acquisition and Analysis. *Frontiers in Neuroscience*, 15, pp. 1–12. <http://doi.org/10.3389/fnins.2021.591122>.

- Ahmad, F., Fouad, H., Liang, S., Hu, Y. and Mo, J., 2021. Termites and Chinese agricultural system: applications and advances in integrated termite management and chemical control. *Insect Science*, 28, pp. 2–20. <http://doi.org/10.1111/1744-7917.12726>.
- Alqu  zar, B., Carmona, L., Bennici, S., Miranda, M. P., Bassanezi, R. B. and Pe  a, L., 2021. Cultural Management of Huanglongbing: Current Status and Ongoing Research. *Phytopathology*, 112(1), pp. 11–25. <https://doi.org/10.1094/PHYTO-08-21-0358-IA>
- Alvarado-G  lvez, L. and Medianero, E., 2021. Especies de parasitoides asociados a moscas de la fruta del g  nero *Anastrepha* (Diptera: Tephritidae) en Panam  , Rep  blica de Panam  . *Scientia*, 25(2), pp. 47–62.
- Andersen, N. M., 1982. *The Semiaquatic Bugs. Entomonograph Volume 3*. Scandinavian Science Press Ltd. 1982 DK-2390 Klampenborg, Denmark.
- Armisen, D., Viala, S., Cordeiro, I. D. R. S., Crumiere, A. J. J., Hendaoui, E., Le Bouquin, A., Duchemin, W., Santos, E., Toubiana, W., Vargas-Lowman, A., Burguez Floriano, C. F., Polhemus, D. A., Wang, Y. H., Rowe, L., Moreira, F. F. F. and Khila, A., 2022. Transcriptome-based Phylogeny of the Semi-aquatic Bugs (Hemiptera: Heteroptera: Gerromorpha) Reveals Patterns of Lineage Expansion in a Series of New Adaptive Zones. *Molecular Biology and Evolution*, 39(11), pp. 1–19. <https://doi.org/10.1093/molbev/msac229>
- Atencio, R., Ja  n, M. and Aguilera, V., 2021a. Nidos de termitas arb  reas asociadas al mara  n (*Anacardium occidentale*) en R  o Hato, Cocl  , Panam  . *Ciencia Agropecuaria*, 33, pp. 15–31.
- Atencio, R., Goebel, F., Guerra, A., Nikpay, A. and Collantes, R., 2021b. Integrated pest management of the sugarcane stemborers *Diatraea* spp., *Elasmopalpus lignosellus* and *Telchin licus*. *Revista Semilla del Este*, 2(1), pp. 37–58. https://revistas.up.ac.pa/index.php/semilla_este/article/view/2466
- Atencio, R., Ja  n, M. and Aguilera, V., 2021c. Hacia un Manejo Integrado del Picudo del Fruto del Pif   (*Palmelampus heinrichi* O'Brien) en Panam  . *Actualidad Agropecuaria*, 270, pp. 8–16.
- Barba, A. and Hern  ndez, R. G., 2009. *Actividad: Identificaci  n de agentes de control biol  gico del chinche de la viruela Cyrtomenus bergi (Hemiptera: Cydnidae)*. Informe. Disponible en: T  cnico. <https://www.cabi.org/wp-content/uploads/Barba-2009b-Biocontrol-agents-Cyrtomenus.pdf>
- Barba, A. and Suris, M., 2015. Presencia de *Thrips palmi* Karny (Thysanoptera: Thripidae) en arvenses asociadas al cultivo de la sand  a para la regi  n de Azuero, Panam  . *Revista de Protecci  n Vegetal*, 30(3), pp. 171–175. http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1010-27522015000300002
- Bashar, K. K. and Hanif, M. A., 2021. Crop gene editing against biotic stresses via CRISPR/Cas9 tools: a review. *Archives of Phytopathology and Plant Protection*, 54(15–16), pp. 1159–1181. <https://doi.org/10.1080/03235408.2021.1895476>
- Bermudez-Santana, C. I., 2011. Buscando agujas en un pajar: viajes de rnas peque  os in silico e in vitro / Finding for a Needle in a Haystack: Trips of Small RNAs from in silico to in vitro. *Acta Biol  gica Colombiana*, 16(3), pp. 103–114. <https://revistas.unal.edu.co/index.php/actabio/article/view/18388/28008>
- Blumenberg, M., 2019. *Introductory Chapter: Transcriptome Analysis* (M. Blumenberg (Ed.); p. Ch. 1). IntechOpen. <https://doi.org/10.5772/intechopen.85980>
- Brown, P. O. and Botstein, D., 1999. Exploring the new world of the genome with DNA microarrays. *Nature Genetics*, 21(1), pp. 33–37. <https://doi.org/10.1038/4462>
- Buffon, G., Blasi,   . A. dos R., Lamb, T. I., Adamski, J. M., Schwambach, J., Ricachenevsky, F. K., Bertolazi, A., Silveira, V., Lopes, M. C. B. and Sperotto, R. A., 2021. *Oryza sativa* cv. Nipponbare and *Oryza barthii* as Unexpected Tolerance and Susceptibility Sources Against *Schizotetranychus oryzae* (Acari: Tetranychidae) Mite Infestation. *Frontiers in Plant Science* 12, pp. 1–15. <http://doi.org/10.3389/fpls.2021.613568>.
- Burand, J. P. and Hunter, W. B., 2013. RNAi: Future in insect management. *Journal of Invertebrate Pathology*, 112, pp. S68–S74.

- <https://doi.org/10.1016/j.jip.2012.07.012>
- Carthew, R. W. and Sontheimer, E. J., 2009. Origins and Mechanisms of miRNAs and siRNAs. *Cell*, 136(4), pp. 642–655. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2009.01.035>
- Castro, M. M., 2018. *Análisis metatranscriptómico y transcriptómico del tracto digestivo de larvas de Spodoptera frugiperda alimentadas con Sorghum halepense*. Tesis para la obtención del título de Licenciado en Genética. Escuela de Ciencias Agrarias, Naturales y Ambientales. Universidad Nacional del Noroeste de la Provincia de Buenos Aires. <https://repositorio.unnoba.edu.ar/xmlui/bitstream/handle/23601/276/TFG-CASTRO%20Mar%C3%ADa%20Micaela%20Lic.%20Gen%C3%A9tica.pdf?sequence=2&isAllowed=y>
- Cech, T. R. and Steitz, J. A., 2014. The noncoding RNA revolution-trashing old rules to forge new ones. *Cell*, 157(1), pp. 77–94. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2014.03.008>
- Chambers, D. C., Carew, A. M., Lukowski, S. W. and Powell, J. E., 2019. Transcriptomics and single-cell RNA-sequencing. *Respirology*, 24(1), pp. 29–36. <https://doi.org/10.1111/resp.13412>
- Chang, P. E. C. and Metz, M. A., 2021. Classification of *Tuta absoluta* (Meyrick, 1917) (Lepidoptera: Gelechiidae: Gelechiinae: Gnorimoschemini) Based on Cladistic Analysis of Morphology. *Proceedings of the Entomological Society of Washington*, 123(1), pp. 41–54. <https://doi.org/10.4289/0013-8797.123.1.41>
- Chen, Y., Zhou, H., Lai, Y., Chen, Q., Yu, X.Q. and Wang, X., 2021. Gut Microbiota Dysbiosis Influences Metabolic Homeostasis in *Spodoptera frugiperda*. *Frontiers in Microbiology* 12, pp. 1–13. <http://doi.org/10.3389/fmicb.2021.727434>.
- Chengalvala, M. V., Chennathukuzhi, V. M., Johnston, D. S., Stevis, P. E. and Kopf, G. S., 2007. Gene expression profiling and its practice in drug development. *Current Genomics*, 8(4), pp. 262–270. <https://doi.org/10.2174/138920207781386942>
- Collantes-Alegre, J. M., Mattenberger, F., Barberà, M. and Martínez-Torres, D., 2018. Characterisation, analysis of expression and localisation of the opsin gene repertoire from the perspective of photoperiodism in the aphid *Acyrtosiphon pisum*. *Journal of Insect Physiology*, 104, pp. 48–59. <https://doi.org/10.1016/j.jinsphys.2017.11.009>
- Concha, C., Palavesam, A., Guerrero, F. D., Sagel, A., Li, F., Osborne, J. A., Hernandez, Y., Pardo, T., Quintero, G., Vasquez, M., Keller, G. P., Phillips, P. L., Welch, J. B., McMillan, W. O., Skoda, S. R. and Scott, M. J., 2016. A transgenic male-only strain of the New World screwworm for an improved control program using the sterile insect technique. *BMC Biology*, 14(1), pp. 1–13. <https://doi.org/10.1186/s12915-016-0296-8>
- Concha, C., Yan, Y., Arp, A., Quilarche, E., Sagel, A., de León, A. P., McMillan, W. O., Skoda, S. and Scott, M. J., 2020. An early female lethal system of the New World screwworm, *Cochliomyia hominivorax*, for biotechnology-enhanced SIT. *BMC Genetics*, 21, pp. 1–12. <http://doi.org/10.1186/s12863-020-00948-x>.
- Connahs, H., Rhen, T. and Simmons, R. B., 2016. Transcriptome analysis of the painted lady butterfly, *Vanessa cardui* during wing color pattern development. *BMC Genomics*, 17, pp. 1–16. <http://doi.org/10.1186/s12864-016-2586-5>.
- Cortés Méndez, T. C., 2010. *Bases moleculares del control del modo de reproducción en pulgones. Identificación de genes regulados por el fotoperiodo y caracterización de los elementos del reloj circadiano en Acyrthosiphon pisum*. Tesis Universitat de València. <https://dialnet.unirioja.es/servlet/tesis?codigo=181025>
- Cortés, T., Tagu, D., Simon, J. C., Moya, A. and Martínez-Torres, D., 2008. Sex versus parthenogenesis: A transcriptomic approach of photoperiod response in the model aphid *Acyrtosiphon pisum* (Hemiptera: Aphididae). *Gene*, 408(1), pp. 146–156. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2007.10.030>
- Crumière, A. J. J., Armisen, D., Vargas-Lowman, A., Kubarakos, M., Moreira, F. F. F. and Khila, A., 2019. Escalation and Morphological Constraints of Antagonistic Armaments in Water Striders. *Frontiers in Ecology and Evolution* 7, 1–12.

- <http://doi.org/10.3389/fevo.2019.00215>.
- Damgaard, J., 2008. Phylogeny of the semiaquatic bugs (Hemiptera-Heteroptera, Gerromorpha). *Insect Systematics and Evolution*, 39(4), pp. 431–460.
<https://doi.org/10.1163/187631208788784264>
- Damgaard, J., 2012. What do we know about the phylogeny of the semi-aquatic bugs (Hemiptera: Heteroptera: Gerromorpha)? *Entomologica Americana*, 118(1), pp. 81–98.
<https://doi.org/10.1664/12-RA-030.1>
- de Klerk, E. and Hoen, P.A.C., 2015. Alternative mRNA transcription, processing, and translation: insights from RNA sequencing. *Trends in Genetics*, 31(3), pp. 128–139.
<https://doi.org/10.1016/j.tig.2015.01.001>
- Eddy, S. R., 2001. Non-coding RNA genes and the modern RNA world. *Nature Reviews Genetics*, 2(12), pp. 919–929.
<https://doi.org/10.1038/35103511>
- EPPO, 2022. *68th Meeting of the Panel on Phytosanitary Measures*. European and Mediterranean Plant Protection Organization Organisation Européenne et Méditerranéenne Pour La Protection Des Plantes. Disponible en:
https://www.eppo.int/MEETINGS/2022_meetings/p_phytomeasures_paris
- Ergin, S., Kherad, N. and Alagoz, M., 2022. RNA sequencing and its applications in cancer and rare diseases. *Molecular Biology Reports*, 49(3), pp. 2325–2333.
<https://doi.org/10.1007/s11033-021-06963-0>
- Etebari, K., Hegde, S., Saldaña, M. A., Widen, S. G., Wood, T. G., Asgari, S. and Hughes, G. L., 2017. Global Transcriptome Analysis of *Aedes aegypti* Mosquitoes in Response to Zika Virus Infection. *MSphere*, 2(6).
<https://doi.org/10.1128/mSphere.00456-17>
- Forero, E. C. and Villamil, L., 2007. Aspectos Económicos de la Erradicación del Gusano Barrenador del Ganado, *Cochliomyia hominivorax* (Coquere I, 1858), en Colombia. *Revista de la Facultad de Medicina Veterinaria y de Zootecnia*, 54, pp. 324–341.
<https://www.redalyc.org/pdf/4076/407639214008.pdf>
- Forero, B., Cortés, V., Villamil, J. and Coquerel, C., 2008. Problemática del Gusano Barrenador del Ganado, *Cochliomyia hominivorax* (Coquerel, 1858) en Colombia. *Revista MVZ Córdoba*, 13(2), pp. 1400–1414.
http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0122-02682008000200016&lng=en&tlng=es.
- García Reina, A., 2020. Patrones de expresión génica en especies de insectos modelo y no modelo. Uso de líneas celulares análisis del transcriptoma del sistema inmune. Tesis de Doctorado dentro del Departamento de Zoología y Antropología Física Escuela Internacional. Universidad de Murcia.
<http://hdl.handle.net/10201/87764>
- Geng, A., Cheng, Y., Wang, Y., Zhu, D., Le, Y., Wu, J., Xie, R., Yuan, J. S. and Sun, J., 2018. Transcriptome analysis of the digestive system of a wood-feeding termite (*Coptotermes formosanus*) revealed a unique mechanism for effective biomass degradation. *Biotechnology for Biofuels*, 11(1), pp. 1–14.
<https://doi.org/10.1186/s13068-018-1015-1>
- Ghimire, B., Saraiva, M., Andersen, C. B., Gogoi, A., Saleh, M., Zic, N., van West, P. and Brurberg, M. B., 2022. Transformation systems, gene silencing and gene editing technologies in oomycetes. *Fungal Biology Reviews*, 40, pp. 37–52.
<https://doi.org/10.1016/j.fbr.2021.11.001>
- Gilarriortua, M., Saloña Bordas, M. I. and Martínez De Pancorbo, M., 2015. Uso De Vestigios Moleculares En Entomología Forense. *Ciencia Forense*, 12, pp. 29–72.
<https://ifc.dpz.es/recursos/publicaciones/35/14/02gilarriortua.pdf>
- Gironella, M., 2010. Nuevos métodos de diagnóstico molecular - Transcriptómica (mARN y miR). *Gh Continuada*, 9(4), pp. 155–165.
https://colombia.unfpa.org/sites/default/files/pub-pdf/infografia-2-semana_andina.pdf
- Grisi, L., Cerqueira Leite, R., de Souza Martins, J. R., Medeiros de Barros, A. T., Andreotti, R., Duarte Cançado, P. H., Pérez de León, A. A., Barros Pereira, J. and Silva Villela, H., 2014. Reassessment of the potential economic impact of cattle parasites in Brazil. *Revista Brasileira de Parasitologia Veterinária*, 23(2), pp. 150–156.
<https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=397841492006>
- Guennewig, B., Lim, J., Marshall, L., McCorkindale,

- A. N., Paasila, P. J., Patrick, E., Kril, J. J., Halliday, G. M., Cooper, A. A. and Sutherland, G. T., 2021. Defining early changes in Alzheimer's disease from RNA sequencing of brain regions differentially affected by pathology. *Scientific Reports*, 11(1), pp. 4865. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-83872-z>
- Guo, J., Huang, Z., Sun, J., Cui, X. and Liu, Y., 2021. Research Progress and Future Development Trends in Medicinal Plant Transcriptomics. *Frontiers in Plant Science*, 12, pp. 1–10. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.691838>
- Han, S., Zhou, Y., Wang, D., Qin, Q., Song, P. and He, Y., 2023. Effect of Different Host Plants on the Diversity of Gut Bacterial Communities of *Spodoptera frugiperda* (J. E. Smith, 1797). *Insects*, 14(3). <https://doi.org/10.3390/insects14030264>
- Hare, J. D., 2010. Ecological Role of Volatiles Produced by Plants in Response to Damage by Herbivorous Insects. *Annual Review of Entomology*, 56(1), pp. 161–180. <https://doi.org/10.1146/annurev-ento-120709-144753>
- Harrington, C. A., Rosenow, C. and Retief, J., 2000. Monitoring gene expression using DNA microarrays. *Current Opinion in Microbiology*, 3(3), pp. 285–291. [https://doi.org/10.1016/S1369-5274\(00\)00091-6](https://doi.org/10.1016/S1369-5274(00)00091-6)
- He, Z., Zhao, X., Lu, Z., Wang, H., Liu, P., Zeng, F. and Zhang, Y., 2018. Comparative transcriptome and gene co-expression network analysis reveal genes and signaling pathways adaptively responsive to varied adverse stresses in the insect fungal pathogen, *Beauveria bassiana*. *Journal of Invertebrate Pathology*, 151, pp. 169–181. <https://doi.org/10.1016/j.jip.2017.12.002>
- Horta, M. A. C., Pimenta, R. J. G., Almeida, D. A., Rosolen, R. R., Aono, A. H., Filho, J. F., de Oliveira, F. A., Niederauer, G. F., Ferreira, R. C. U., Bajay, S. K., Goldman, G. H. and de Souza, A. P., 2023. In: M. Ajmal Ali and J. Lee, eds. 2023. *Transcriptomic analysis of genes: expression and regulation*. Academic Press. (pp. 1–41). Ch. 1. <https://doi.org/10.1016/B978-0-323-91810-7.00017-0>
- Inestroza, M., 2023. *Langosta Centroamericana (Schistocerca piceifrons)*. Grupo Cadelga - Vive Tu Tierra. Disponible en: <https://grupocadelga.com/vive-tu-tierra/langosta-centroamericana-schistocerca-piceifrons>
- Instituto Nacional del Cancer., 2022. *Perfil de expresión génica*. Diccionario de Cáncer Del NCI. Disponible en: <https://www.cancer.gov/espanol/publicaciones/diccionarios/diccionario-cancer/def/perfil-de-expresion-genica>
- Jaiswal, S., Singh, D. K. and Shukla, P., 2019. Gene editing and systems biology tools for pesticide bioremediation: A review. *Frontiers in Microbiology*, 10, pp. 1–13. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.00087>
- Jockusch, E. L. and Fisher, C. R., 2021. Something old, something new, something borrowed, something red: the origin of ecologically relevant novelties in Hemiptera. *Current Opinion in Genetics and Development*, 69, pp. 154–162. <https://doi.org/10.1016/j.gde.2021.04.003>
- Jones, A. G., Mason, C. J., Felton, G. W. and Hoover, K., 2019. Host plant and population source drive diversity of microbial gut communities in two polyphagous insects. *Scientific Reports*, 9(1), pp. 2792. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-39163-9>
- Korb, J., Poulsen, M., Hu, H., Li, C., Boomsma, J. J., Zhang, G. and Liebig, J., 2015. A genomic comparison of two termites with different social complexity. *Frontiers in Genetics* 6, pp. 1–12. <http://doi.org/10.3389/fgene.2015.00009>
- Korytkowski, C., 2003. *Manejo Integrado de Plagas*. Universidad de Panamá. Vice-Rectoría de Investigación y Post-grado. Programa de Maestría en Entomología. Disponible en: <https://www.cabi.org/wp-content/uploads/Korytkowski-2003-IPM.pdf>
- Kushwaha, U.K.S., 2022. A cost-efficient and alternative technique of managing fall armyworm *Spodoptera frugiperda* (J.E. Smith) larvae in maize crop. *Scientific Reports*, 12(1), pp. 6741. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-10982-7>
- Lau, N.C., Lim, L.P., Weinstein, E.G. and Bartel, D.P., 2001. An Abundant Class of Tiny RNAs with Probable Regulatory Roles in *Caenorhabditis elegans*. *Science*, 294(5543), pp. 858–862. <https://doi.org/10.1126/science.1065062>

- Lee, S. J., Lee, M. R., Kim, S., Kim, J. C., Park, S. E., Li, D., Shin, T. Y., Nai, Y.-S. and Kim, J. S., 2018. Genomic Analysis of the Insect-Killing Fungus *Beauveria bassiana* JEF-007 as a Biopesticide. *Scientific Reports*, 8(1), pp. 12388. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-30856-1>
- Lemos-Lucumi, C. A., Velasco-Cuervo, S. M. and Toro-Perea, N., 2022. First micro-transcriptome of the third instar larvae of *Anastrepha obliqua* and its association with polyphagia. *Journal of Applied Entomology*, 146(6), pp. 700–709. <https://doi.org/10.1111/jen.13000>
- Leopold, R.A., 2007. Cryopreservation of non-mammalian metazoan systems. In: J. G. Baust and J. M., eds. 2007. *Baust Advances in Biopreservation* (pp. 271 – 298). CRC Press, Boca Raton, FL.
- Lezcano-B, J., Saldaña, E., Ruíz, R. and Caballero, S., 2015. Patogenicidad y virulencia del aislado de la cepa nativa de *Isaria* spp. y dos hongos entomopatogenos comerciales. *Ciencia Agropecuaria*, 23, 20–38. <http://www.revistacienciaagropecuaria.ac.pa/index.php/ciencia-agropecuaria/article/view/120>
- Li, J. and Liu, C., 2019. Coding or noncoding, the converging concepts of RNAs. *Frontiers in Genetics*, 10, pp. 1–10. <https://doi.org/10.3389/fgene.2019.00496>
- Li, M., Lan, C., Gao, H., Xing, D., Gu, Z., Su, D., Zhao, T., Yang, H. and Li, C., 2020. Transcriptome analysis of *Aedes aegypti* Aag2 cells in response to dengue virus-2 infection. *Parasites & Vectors*, 13(1), pp. 421. <https://doi.org/10.1186/s13071-020-04294-w>
- Lim, W. K. and Mathuru, A. S., 2020. Design, challenges, and the potential of transcriptomics to understand social behavior. *Current Zoology*, 66(3), pp. 321–330. <https://doi.org/10.1093/cz/zoaa007>
- Liu, Y., Beyer, A. and Aebersold, R., 2016. On the Dependency of Cellular Protein Levels on mRNA Abundance. *Cell*, 165(3), pp. 535–550. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2016.03.014>
- Lodish, H., Berk, A., Kaiser, C.A., Krieger, M., Bretscher, A., Ploegh, H., Amon, A. and Martin, K., 2016. *Molecular Cell Biology* (8th ed.). W. H. Freeman.
- Madden, S. L., Wang, C. J. and Landes, G., 2000. Serial analysis of gene expression: from gene discovery to target identification. *Drug Discovery Today*, 5(9), pp. 415–425. [https://doi.org/10.1016/S1359-6446\(00\)01544-0](https://doi.org/10.1016/S1359-6446(00)01544-0)
- Malpica, F., Andara, H. and Varela, R., 2010. Especies de *Nasutitermes* (Isoptera: Termitidae) en La Cumaca, Municipio San Diego, Estado Carabobo, Venezuela. *Faraute de Ciencias y Tecnología*, 5(2), pp. 44–55. <http://servicio.bc.uc.edu.ve/facyt/vol5n2/art04.pdf>
- Mason, C. J., St. Clair, A., Peiffer, M., Gomez, E., Jones, A. G., Felton, G. W. and Hoover, K., 2020. Diet influences proliferation and stability of gut bacterial populations in herbivorous lepidopteran larvae. *Plos One*, 15(3), e0229848. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0229848>
- Mattick, J. S., Amaral, P. P., Carninci, P., Carpenter, S., Chang, H. Y., Chen, L.-L., Chen, R., Dean, C., Dinger, M. E., Fitzgerald, K. A., Gingeras, T. R., Guttman, M., Hirose, T., Huarte, M., Johnson, R., Kanduri, C., Kapranov, P., Lawrence, J. B., Lee, J. T., Mendell, J., Mercer, T., Moore, K., Nakagawa, S., Rinn, L., Spector, D., Ulitsky, I., Wan, Y., Wilusz, J. and Wu, M., 2023. Long non-coding RNAs: definitions, functions, challenges and recommendations. *Nature Reviews Molecular Cell Biology*, 24(6), pp. 430–447. <https://doi.org/10.1038/s41580-022-00566-8>
- Mendes-de-Almeida, F., Labarthe, N., Guerrero, J., Landau-Remy, G., Rodrigues, D. P., Borja, G. E. M. and Pereira, M. J. S., 2007. *Cochliomyia hominivorax* myiasis in a colony of stray cats (*Felis catus* Linnaeus, 1758) in Rio de Janeiro, RJ. *Veterinary Parasitology*, 146(3–4), pp. 376–378. <https://doi.org/10.1016/j.vetpar.2007.02.021>
- Mendez-Rios, J. D., López-Vergès, S., Suarez, J. A., Moreno, B., Vergès de López, C., Méndez, D. E., Estripeaut, D., González-Santamaría, J. de Villareal, G., Valderrama, A., Cáceres, L. and Sosa, N., 2015. Zika en Panamá y Latinoamérica: Aspectos clínicos y moleculares de una problemática emergente. *Revista Médica de Panamá*, 35(3), pp. 11–20. <https://www.revistamedica.org/index.php/rm>

- [dp/article/view/388/1734](https://doi.org/10.1038/s41598-019-49922-3)
- Meng, J., Chen, X. and Zhang, C., 2019. Transcriptome-based identification and characterization of genes responding to imidacloprid in *Myzus persicae*. *Scientific Reports*, 9(1), pp. 13285. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-49922-3>
- Montezano, D. G., Specht, A., Sosa-Gómez, D. R., Roque-Specht, V. F., Sousa-Silva, J. C., Paula-Moraes, S. V., Peterson, J. A. and Hunt, T. E., 2018. Host Plants of *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) in the Americas. *African Entomology*, 26(2), pp. 286–300. <https://doi.org/10.4001/003.026.0286>
- Mora, J., Ramírez, D., Ordaz, J. L., Acosta, A. and Serna, B., 2010. Efecto del cambio climático sobre la agricultura. *Efecto Del Cambio Climático Sobre La Agricultura. Comisión Económica Para América Latina y El Caribe (CEPAL) – Sede Subregional En México.*, 74. Disponible en: <https://repositorio.cepal.org/bitstream/handle/11362/25926/1/lcmex1971.pdf>
- Morozova, O., Hirst, M. and Marra, M. A., 2009. Applications of New Sequencing Technologies for Transcriptome Analysis. *Annual Review of Genomics and Human Genetics*, 10(1), pp. 135–151. <https://doi.org/10.1146/annurev-genom-082908-145957>
- Munro, K. M. and Perreau, V. M., 2009. Current and Future Applications of Transcriptomics for Discovery in CNS Disease and Injury. *Neurosignals*, 17(4), pp. 311–327. <https://doi.org/10.1159/000231897>
- Nagoshi, R. N., Htain, N. N., Boughton, D., Zhang, L., Xiao, Y., Nagoshi, B. Y. and Mota-Sanchez, D., 2020. Southeastern Asia fall armyworms are closely related to populations in Africa and India, consistent with common origin and recent migration. *Scientific Reports*, 10(1), pp. 1421. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-58249-3>
- Neary, B., Zhou, J. and Qiu, P., 2021. Identifying gene expression patterns associated with drug-specific survival in cancer patients. *Scientific Reports*, 11(1), pp. 5004. <https://doi.org/10.1038/s41598-021-84211-y>
- Olivas, W. M., Muhlrads, D. and Parker, R., 1997. Analysis of the yeast genome: Identification of new non-coding and small ORF-containing RNAs. *Nucleic Acids Research*, 25(22), pp. 4619–4625. <https://doi.org/10.1093/nar/25.22.4619>
- Organismo Internacional Regional de Sanidad Agropecuaria, 2017. *Manejo Integrado del Ácaro del Arroz (Steneotarsonemus spinki Smily) y las enfermedades asociadas*. Disponible en: https://www.oirsa.org/contenido/2018/Sanidad_Vegetal/Manuales_OIRSA_2015-2018/Manual_de_Manejo_Integrado_de_Spinky_versión_3_de_mayo_Final.pdf
- Paulo, D. F., Williamson, M. E., Arp, A. P., Li, F., Sagel, A., Skoda, S. R., Sanchez-Gallego, J., Vasquez, M., Quintero, G., Pérez de León, A. A., Belikoff, E. J., Azeredo-Espin, A. M. L., McMillan, W. O., Concha, C. and Scott, M. J., 2019. Specific gene disruption in the major livestock pests *Cochliomyia hominivorax* and *Lucilia cuprina* using CRISPR/Cas9. *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 9(9), pp. 3045–3055. <https://doi.org/10.1534/g3.119.400544>
- Quirós-Mcintire, E. I. and Camargo Buitrago, I., 2011. Respuesta de variedades de arroz (*Oryza sativa* L.) a las poblaciones de *Steneotarsonemus spinki* Smiley (Acari: Tarsonemidae) en Panamá, 2007. *Revista de Protección Vegetal*, 26(1), pp. 30–39. <http://scielo.sld.cu/pdf/rpv/v26n1/rpv05111.pdf>
- Quiros, D. I. and Emmen, D.A., 2006. Diversidad biológica de los áfidos (Hemiptera: Aphididae) de Panamá. *Tecnociencia*, 8(2), pp. 63–75. <https://revistas.up.ac.pa/index.php/tecnociencia/article/view/748>
- Rai, M. F., Tycksen, E. D., Sandell, L. J. and Brophy, R. H., 2018. Advantages of RNA-seq compared to RNA microarrays for transcriptome profiling of anterior cruciate ligament tears. *Journal of Orthopaedic Research: Official Publication of the Orthopaedic Research Society*, 36(1), pp. 484–497. <https://doi.org/10.1002/jor.23661>
- Rao, M. S., Van Vleet, T. R., Ciurlionis, R., Buck, W. R., Mittelstadt, S. W., Blomme, E. A. G. and Liguori, M. J., 2019. Comparison of RNA-Seq and Microarray Gene Expression Platforms for the Toxicogenomic Evaluation of Liver From Short-Term Rat Toxicity Studies. *Frontiers in Genetics*, pp. 1–16. <https://doi.org/10.3389/fgene.2018.00636>

- Rodríguez-Cruz, R., 2022. Estrategias para el control del dengue y del *Aedes aegypti* en las Américas. *Revista Cubana de Medicina Tropical*, 54(3), pp. 189–201. http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0375-07602002000300004&lng=es&tlng=es
- Rodríguez, E. J., 2010. Evaluaciones de trampas y atrayentes para la captura de especies del género *Anastrepha* (Diptera: Tephritidae). Tesis de Maestría. Universidad de Panamá. Vicerrectoría de Investigación y Postgrado. http://up-rid.up.ac.pa/595/1/erick_rodriguez.pdf
- Ruan, Y., Le Ber, P., Hui Ng, H. and Liu, E. T., 2004. Interrogating the transcriptome. *Trends in Biotechnology*, 22(1), pp. 23–30. <https://doi.org/10.1016/j.tibtech.2003.11.002>
- Rubio, S., Pacheco-Orozco, R.A., Milena Gómez, A., Perdomo, S. and García-Robles, R., 2020. Secuenciación de nueva generación (NGS) de ADN: presente y futuro en la práctica clínica. *Universitas Medica*, 61(2). <https://doi.org/10.11144/Javeriana.umed61-2.sngs>
- Salas-Acuña, B., 2005. Posibilidades de control de Nasutitermes corniger utilizando el hongo entomopatógeno Metarhizium sp. *Kurú: Revista Forestal (Costa Rica)*, 2(4), pp. 16–21. <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=5123357>
- Santos, M. E., Le Bouquin, A., Crumiere, A. J. J. and Khila, A., 2017. Taxon-restricted genes at the origin of a novel trait allowing access to a new environment. *Science*, 358(6361), pp. 386–390. <https://doi.org/10.1126/science.aan2748>
- Scannapieco, A. C., Conte, C. A., Rivarola, M., Wulff, J. P., Muntaabski, I., Ribone, A., Milla, F., Cladera, J. L. and Lanzavecchia, S. B., 2020. Transcriptome analysis of *Anastrepha fraterculus* sp. 1 males, females, and embryos: insights into development, courtship, and reproduction. *BMC Genetics*, 21(2), pp. 1–16. <https://doi.org/10.1186/s12863-020-00943-2>
- Schena, M., Shalon, D., Davis, R. W., Brown, P. O., Schena, M., Shalon, D., Davis, R. W. and Brown, P. O., 1995. Quantitative Monitoring of Gene Expression Patterns with a Complementary DNA Microarray. *Sciences*, 270(5235), pp. 467–470. <https://doi.org/10.1126/SCIENCE.270.5235.467>
- Scott, M. J., Benoit, J. B., Davis, R. J., Bailey, S. T., Varga, V., Martinson, E. O., Hickner, P. V., Syed, Z., Cardoso, G. A., Torres, T. T., Weirauch, M. T., Scholl, E. H., Phillippy, A. M., Sagel, A., Vasquez, M., Quintero, G. and Skoda, S. R., 2020. Genomic analyses of a livestock pest, the New World screwworm, find potential targets for genetic control programs. *Communications Biology*, pp. 1–14. <https://doi.org/10.1038/s42003-020-01152-4>
- Shelomi, M., 2020. *Transcriptomics in Entomological Research*. CAB International. <https://www.cabdigitallibrary.org/doi/book/10.1079/9781789243130.0000>
- Silva, M., Bezerra, G., Dantas de Oliveira, J.J. and Bolzan, A., 2019. Area-Wide Management of *Anastrepha grandis* in Brazil. In: M. Perez-Staples, D., Diaz-Fleischer, F., Montoya, P. and Vera, M. eds. *Area-Wide Management of Fruit Fly Pests*. (pp. 14). CRC Press. <https://doi.org/10.1201/9780429355738>
- Soto Sedano, J. C. and López Carrascal, C. E., 2012. RNA-seq: herramienta transcriptómica útil para el estudio de interacciones planta-patógeno. *Fitosanidad*, 16(2), pp. 101–113. <https://www.redalyc.org/pdf/2091/209126216009.pdf>
- Strano, C. P., Malacrino, A., Campolo, O. and Palmeri, V., 2018. Influence of Host Plant on *Thaumetopoea pityocampa* Gut Bacterial Community. *Microbial Ecology*, 75(2), pp. 487–494. <https://doi.org/10.1007/s00248-017-1019-6>
- Stupp, P., Junior, R. M., Nora Cardoso, T. D., Padilha, A. C., Hoffer, A., Bernardi, D. and Botton, M., 2021. Mass trapping is a viable alternative to insecticides for management of *Anastrepha fraterculus* (Diptera: Tephritidae) in apple orchards in Brazil. *Crop Protection*, 139, 105391. <https://doi.org/10.1016/j.cropro.2020.105391>
- Sutter, P., 2005. El control de los zancudos en Panamá: los entomólogos y el cambio ambiental durante la construcción del Canal. *Historia Crítica*, 30, pp. 67–90. http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0121-16172005000200004&lng=en&tlng=es

- 8674(00)81845-0
- Tosto, N. M., Beasley, E. R., Wong, B. B. M., Mank, J. E. and Flanagan, S. P., 2023. The roles of sexual selection and sexual conflict in shaping patterns of genome and transcriptome variation. *Nature Ecology & Evolution*. <https://doi.org/10.1038/s41559-023-02019-7>
- Tripathi, S., Jadaun, J. S., Chandra, M. and Sangwan, N. S., 2016. Medicinal plant transcriptomes: the new gateways for accelerated understanding of plant secondary metabolism. *Plant Genetic Resources*, 14(4), 256–269. <https://doi.org/10.1017/S1479262116000162>
- Tuteja, R. and Tuteja, N., 2004. Serial Analysis of Gene Expression: Applications in Human Studies. *Journal of Biomedicine and Biotechnology*, 2, pp. 113–120. <https://doi.org/10.1155/S1110724304308119>
- van der Kloet, F. M., Buurmans, J., Jonker, M. J., Smilde, A. K. and Westerhuis, J. A., 2020. Increased comparability between RNA-Seq and microarray data by utilization of gene sets. *PLOS Computational Biology*, 16(9), e1008295. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1008295>
- Van Oss, S.B. and Carvunis, A.R., 2019. De novo gene birth. *PLOS Genetics*, 15(5), pp. 1–23. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1008160>
- Vargas-Lowman, A., Armisen, D., Burguez Floriano, C. F., da Rocha Silva Cordeiro, I., Viala, S., Bouchet, M., Bernard, M., Le Bouquin, A., Santos, M. E., Berlioz-Barbier, A., Salvador, A., Figueiredo Moreira, F. F., Bonneton, F. and Khila, A., 2019. Cooption of the pteridine biosynthesis pathway underlies the diversification of embryonic colors in water striders. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 116(38), pp. 19046 – 19054. <https://doi.org/10.1073/pnas.1908316116>
- Velculescu, V., Zhang, L., Vogelstein, B. and Kinzler, K., 1995. Serial Analysis of Gene Expression. *Science*, 270(5235), pp. 484–487. <https://doi.org/10.1126/science.270.5235.484>
- Velculescu, V.E., Zhang, L., Zhou, W., Vogelstein, J., Basrai, M.A., Bassett Jr, D.E., Hieter, P., Vogelstein, B. and Kinzler, K.W., 1997. Characterization of the yeast transcriptome. *Cell*, 88(2), pp. 243–251. [https://doi.org/10.1016/s0092-8674\(00\)81845-0](https://doi.org/10.1016/s0092-8674(00)81845-0)
- Wang, B., Kumar, V., Olson, A. and Ware, D., 2019. Reviving the Transcriptome Studies: An Insight Into the Emergence of Single-Molecule Transcriptome Sequencing. *Frontiers in Genetics*. 10, pp. 1–11. <https://doi.org/10.3389/fgene.2019.00384>
- Wang, D. and Farhana, A., 2022. *Biochemistry, RNA Structure - StatPearls - NCBI Bookshelf*. Biochemistry, RNA Structure - StatPearls - NCBI Bookshelf. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK558999/>
- Wang, M. and Pestov, D.G., 2016. *Quantitative Northern Blot Analysis of Mammalian rRNA Processing BT - The Nucleolus: Methods and Protocols*. A. Németh, ed. (pp. 147–157). Springer New York. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-3792-9_12
- Wang, J.J., Bai, W.W., Zhou, W., Liu, J., Chen, J., Liu, X.Y., Xiang, T.T., Liu, R.H., Wang, W.H., Zhang, B.I. and Wan, Y.J., 2017. Transcriptomic analysis of two *Beauveria bassiana* strains grown on cuticle extracts of the silkworm uncovers their different metabolic response at early infection stage. *Journal of Invertebrate Pathology*, 145, pp. 45–54. <https://doi.org/10.1016/j.jip.2017.03.010>
- Wang, Y.P., Liu, X., Yi, C.Y., Chen, X.Y., Liu, C.H., Zhang, C.C., Chen, Q.D., Chen, S., Liu, H.L. and Pu, D.Q., 2023. The Adaptive Evolution in the Fall Armyworm *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) Revealed by the Diversity of Larval Gut Bacteria. *Genes*, 14(2), pp. 1–17. <https://doi.org/10.3390/genes14020321>
- Wang, Z., Gerstein, M. and Snyder, M., 2009. RNA-Seq: a revolutionary tool for transcriptomics. *Nature Reviews Genetics*, 10(1), pp. 57–63. <https://doi.org/10.1038/nrg2484>
- Widana Gamage, S. M. K., Rotenberg, D., Schneweis, D. J., Tsai, C.-W. and Dietzgen, R. G., 2018. Transcriptome-wide responses of adult melon thrips (*Thrips palmi*) associated with capsicum chlorosis virus infection. *PLOS ONE*, 13(12), pp. 1–23. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0208538>
- Williams, K. D., Schmidt, P. S. and Sokolowski, M.

- B., 2009. Photoperiodism in Insects: Molecular Basis and Consequences of Diapause. In: R. J. Nelson, D. L. Denlinger and D. E. Somers, eds. (pp. 287-317) *Photoperiodism: The Biological Calendar*. Oxford University Press. <https://doi.org/10.1093/acprof:oso/9780195335903.003.0012>
- Wu, P., Feng, Q., Kerchberger, V. E., Nelson, S. D., Chen, Q., Li, B., Edwards, T. L., Cox, N. J., Phillips, E. J., Stein, C. M., Roden, D. M., Denny, J. C. and Wei, W.Q., 2022. Integrating gene expression and clinical data to identify drug repurposing candidates for hyperlipidemia and hypertension. *Nature Communications*, 13(1), pp. 1–12. <https://doi.org/10.1038/s41467-021-27751-1>
- Yamamoto, M., Wakatsuki, T., Hada, A. and Ryo, A., 2001. Use of serial analysis of gene expression (SAGE) technology. *Journal of Immunological Methods*, 250(1), pp. 45–66. [https://doi.org/10.1016/S0022-1759\(01\)00305-2](https://doi.org/10.1016/S0022-1759(01)00305-2)
- Yang, P., Chen, X.M., Liu, W.W., Feng, Y. and Sun, T., 2015. Transcriptome analysis of sexually dimorphic Chinese white wax scale insects reveals key differences in developmental programs and transcription factor expression. *Scientific Reports*, 5, pp. 1–8. <https://doi.org/10.1038/srep08141>
- Ye, S., Lavoie, T., Usher, D. and Zhang, L.Q., 2002. Microarray, SAGE and their applications to cardiovascular diseases. *Cell Res*, 12, pp. 105–115. <https://doi.org/10.1038/Sj.Cr.7290116>
- Yeoh, E.J., Ross, M. E., Shurtleff, S. A., Williams, W. K., Patel, D., Mahfouz, R., Behm, F. G., Raimondi, S. C., Relling, M. V, Patel, A., Cheng, C., Campana, D., Wilkins, D., Zhou, X., Li, J., Liu, H., Pui, C.-H., Evans, W. E., Naeve, C., Wong, L. and Downing, J. R., 2002. Classification, subtype discovery, and prediction of outcome in pediatric acute lymphoblastic leukemia by gene expression profiling. *Cancer Cell*, 1(2), pp. 133–143. [https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S1535-6108\(02\)00032-6](https://doi.org/https://doi.org/10.1016/S1535-6108(02)00032-6)
- Yu, H.Z., Li, N.Y., Zeng, X.D., Song, J.C., Yu, X.D., Su, H.N., Chen, C.X., Yi, L. and Lu, Z.J., 2020. Transcriptome Analyses of *Diaphorina citri* Midgut Responses to *Candidatus Liberibacter Asiaticus* Infection. *Insects*, 11(3), pp. 1–16. <https://doi.org/10.3390/insects11030171>
- Yuning, L., Luyang, L., Xueming, C., Xianmei, Y., Jintian, L. and Benshui, S., 2022. The bacterial and fungal communities of the larval midgut of *Spodoptera frugiperda* (Lepidoptera: Noctuidae) varied by feeding on two cruciferous vegetables. *Scientific Reports*, 12(1), pp. 13063. <https://doi.org/10.1038/s41598-022-17278-w>
- Zachau, H. G., 1969. Transfer Ribonucleic Acids. *Angewandte Chemie International Edition in English*, 8(10), pp. 711–727. <https://doi.org/10.1002/anie.196907111>
- Zavala, J. A., 2010. Respuestas inmunológicas de las plantas frente al ataque de insectos. *Ciencia Hoy*, 20 (117), pp. 53–59. Disponible en: https://ri.conicet.gov.ar/bitstream/handle/11336/60850/CONICET_Digital_Nro.e3c16c71-5422-4bdf-a382-b469ba1f6cb2_A.pdf?sequence=2
- Zambrano, K, Dávila, M. and Castillo, M.A., 2002. Detección de fragmentos de ADN de hongos y su posible relación con la síntesis de proteínas de actividad entomopatógena. *Revista de La Facultad de Agronomía*, 19(3), pp. 185–193. http://ve.scielo.org/scielo.php?script=sci_artext&pid=S0378-78182002000300002&lng=es&tlng=es.
- Zenner de Polanía, I., 2017. Reseña de la entomología económica y médica del siglo pasado en Colombia. *Revista U.D.C.A Actualidad & Divulgación Científica*, 20(1), pp. 163–173. <https://doi.org/10.31910/rudca.v20.n1.2017.73>
- Zhao, B.S., Roundtree, I.A. and He, C., 2017. Post-transcriptional gene regulation by mRNA modifications. *Nature Reviews. Molecular Cell Biology*, 18(1), pp. 31–42. <https://doi.org/10.1038/nrm.2016.132>
- Zhao, S., Fung-Leung, W.-P., Bittner, A., Ngo, K. and Liu, X., 2014. Comparison of RNA-Seq and Microarray in Transcriptome Profiling of Activated T Cells. *Plos One*, 9(1), pp. 1–13. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0078644>