

Transgenic Research

Characterization of the spectrum of insecticidal activity of a double-stranded RNA with targeted activity against Western Corn Rootworm (*Diabrotica virgifera virgifera* LeConte)

Pamela M. Bachman^{*1}, Renata Bolognesi², William J. Moar¹, Geoffrey M. Mueller¹, Mark S. Paradise¹, Parthasarathy Ramaseshadri², Jianguo Tan¹, Joshua P. Uffman¹, JoAnne Warren¹, B. Elizabeth Wiggins², and Steven L. Levine¹

1. Monsanto Company, 800 N Lindbergh Blvd., St. Louis, MO 63167, USA

2. Monsanto Company, 700 Chesterfield Parkway W, Chesterfield, MO 63017, USA

*Corresponding author: Pamela M. Bachman, pamela.m.bachman@monsanto.com

Online Resource 2 FASTA alignment of the *N. vitripennis* 240 nt *Snf7* ortholog (NvSnf7) to the DvSnf7 sequence shows no contiguous sequence match greater than 14 nt and an overall shared sequence identity of 71%. The alignment was created using FASTA version 36.3.5c (Pearson and Lipman, 1988). The NvSnf7 sequence is UniGene sequence Nvi#S49011431

```

      240      230      220      210      200      190
DvSnf7 GCAAAGAAAAATGCGTCGAAAAATAAAAGAGTTGCACTCCAAGCCCTCAAAAAGAAGAAA
      :: : :: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NvSnf7 GCCAGGAAGAACGGCACCAAGAACAGAAGAGCTGCCATTCAAGCATTAAAGAGGAAGAAG
      160      170      180      190      200      210

      180      170      160      150      140      130
DvSnf7 CGATTGGAAGACCCAACTACAAATAGATGGAACCTTACAACCTATTGAAATGCAGAGG
      :: : :: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NvSnf7 CGATATGAGAAGCAACTTCAGCAAATCGATGGAACCTCTATCCACGATTGAGATGCAGAGA
      220      230      240      250      260      270

      120      110      100      90      80      70
DvSnf7 GAAGCCCTCGAAGGAGCTAGCACAAATACTGCTGTATTAGATTCTATGAAAAATGCTGCA
      :: : :: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NvSnf7 GAAGCACTGGAAAGTGCAAATACAAATACTGCTGTTCTTACCACGATGAAAAATGCTGCT
      280      290      300      310      320      330

      60      50      40      30      20      10
DvSnf7 GATGCCCTTAAGAAAGCTCATAAGAATTTGAATGTAGATGATGTTACGATATCATGGAT
      :: : :: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
NvSnf7 GATGCCCTTAAGCAGCTCATCAACACATGGATGTTGACCAAGTTCACGATATGATGGAT
      340      350      360      370      380      390
```

Online Resource 3 FASTA alignment of the *B. mori* 240 nt *Snf7* ortholog (BmSnf7) to DvSnf7 dsRNA shows no contiguous sequence match greater than 15 nt and an overall shared sequence identity of 66%. The alignment was created using FASTA version 36.3.5c (Pearson and Lipman, 1988). The BmSnf7 sequence is UniGene sequence Bmo#S58881086

```

      240      230      220      210      200      190
DvSnf7 GCAAAGAAAAATGCGTCGAAAAATAAAAGAGTTGCACTCCAAGCCCTCAAAAAGAAGAAA
      :: : :::: :: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
BmSnf7 GCCAGGAAACATGGCACTAAGAACAAAAGAGCTGCCATTGCAGCTCTCAAGCGGAAGAAG
      290      300      310      320      330      340

      180      170      160      150      140      130
DvSnf7 CGATTGGAAAAG-ACCCAAC TACAAATAGATGGAACCCTTACAAC TATTGAAATGCAGAG
      :: : :: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
BmSnf7 AGATACGAGAAGCAACTTACT-CAAATAGATGGGACCCTCACTCAGATTGAGGCCCAAAG
      350      360      370      380      390      400

      120      110      100      90      80      70
DvSnf7 GGAAGCCCTCGAAGGAGCTAGCACAAATACTGCTGTATTAGATTCTATGAAAAATGCTGC
      ::::: : : ::::: : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
BmSnf7 GGAAGCGCTAGAAGGTGCCAATACCAATGCCCAAGTATTGAACACTATGCGCGAGGCAGC
      410      420      430      440      450      460

      60      50      40      30      20      10
DvSnf7 AGATGCCCTTAAGAAAGCTCATAAGAATTTGAATGTAGATGATGTTACGATATCATGGAT
      ::::: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
BmSnf7 TAATGCCATGAAGCTCGCACACAAAGACATTGATGTGGACAAAGTACACGATATCATGGAT
      470      480      490      500      510      520

```

Online Resource 4 FASTA alignment of the *T. castaneum* 240 nt *Snf7* ortholog (TcSnf7) to the DvSnf7 dsRNA sequence showed no contiguous sequence match greater than 11 nt and an overall 72% shared sequence identity. The alignment was created using FASTA version 36.3.5c (Pearson and Lipman, 1988). The TcSnf7 sequence is UniGene sequence Tca#S32316245

Reference