



Regulação proteica na mediação da tolerância à seca em milho-pipoca: indícios de diferenciação metabólica

Katia Fabiane Medeiros Schmitt, Vitor Batista Pinto, Samuel Henrique Kamphorst, Valter Jário de Lima, Antônio Teixeira do Amaral Junior, Vanildo Silveira

Frente às mudanças climáticas, a agricultura tem o maior desafio do século: produzir alimentos em condições de seca. Compreender as respostas das plantas ao estresse hídrico por meio de perfis proteicos fornece novos *insights* na identificação de proteínas que controlam a arquitetura e a tolerância das plantas, auxiliando o melhoramento na mitigação dos efeitos nocivos da seca. Para tanto, objetivou-se caracterizar linhagens de milho-pipoca quanto às respostas proteômicas e morfofisiológicas, sob diferentes condições hídricas (CH). Para tal, utilizaram-se as linhagens L71 (tolerante a seca) e L61 (sensível à seca). As plantas desenvolveram-se até o enchimento de grãos em substrato composto de perlita e turfa, alocadas em tubo PVC, de 150 cm, sob condição irrigada (WW), na capacidade de campo (CC – 100 %); e de estresse hídrico (WS), cuja irrigação foi suspensa aos 15 dias após emergência. As plantas da condição WW consumiram gradativamente a água presente nos tubos até chegarem 45 % da CC, e assim foram mantidas por 10 dias. Para a análise proteômica, foram extraídas as proteínas de três réplicas biológicas (300mg de matéria fresca) de folhas para cada genótipo e CH. Cerca de 100 µg de proteína foram utilizados para tripsinização e os peptídeos resultantes, submetidos à análise no espectrômetro de massas. Realizou-se, então, o processamento dos espectros e identificação das proteínas. Foram consideradas proteínas diferencialmente acumuladas aquelas com resultados significativos para o teste t ($p < 0,05$), considerando-se Log^2 foldchange $> 0,6$ para proteínas up-acumuladas e $< -0,6$ para proteínas down-acumuladas. As proteínas diferencialmente acumuladas (DAPS) foram classificadas em categoria de processos biológicos funcionais utilizando o software OmicsBox. Em L71 observaram-se 169 proteínas diferencialmente acumuladas sendo, 74 down e 95 up reguladas, e em L61 foram 386 DAPS; sendo 230 down e 156 up reguladas. Seguindo a ordem up e down, respectivamente, para L71 e L61, as DAPS foram classificadas funcionalmente como: processo celular – 52 e 71, 93 e 156, processo metabólico – 42 e 41, 80 e 154; resposta a estímulos – 27 e 19, 53 e 60; atividade catalítica – 53 e 49; 108 e 106; ligação – 51 e 31, 91 e 108; e anatomia celular – 56 e 38, 105 e 42. Em nível fisiológico, L71 em relação a L61, apresentou maiores valores de trocas gasosas, de matéria seca total (aérea e radicular), e altura de plantas, bem como menores perdas proporcionais entre as CHs. Esses são resultados preliminares e requerem amadurecimento para propor conclusões e aplicações. Ao que se parece, L61 foi mais sensível ao WS com maiores taxas de redução entre CH apesar do maior número de DAPS.

*Instituição do Programa de IC, IT ou PG:
Fomento da bolsa (quando aplicável):*