



Proteínas diferencialmente acumuladas em *Capsicum annuum* var. *annuum* associadas à resistência genética contra mancha bacteriana (*Xanthomonas euvesicatoria*)

Antonio André da Silva Alencar, Felipe Astolpho Almeida, Kaliane Zaira, Cláudia Pombo Sudré, Amíntia Pombo Sudré da Silva, Maria do Socorro Bezerra de Araújo, Vanildo Silveira, Rosana Rodrigues

Capsicum annuum L. é severamente afetada por doenças, incluindo a mancha bacteriana causada por *Xanthomonas euvesicatoria*. Essa doença é um fator limitante ao cultivo de pimentão e pimentas, e o uso de produtos à base de cobre, bem como antibióticos, leva ao surgimento de isolados bacterianos insensíveis a esses princípios ativos. Dessa forma, a estratégia mais eficaz de controle é o uso de cultivares resistentes juntamente a práticas de manejo integrado. Para elucidar os mecanismos de defesa envolvidos na interação *Capsicum* - *Xanthomonas*, a análise proteômica pode fornecer informações importantes sobre proteínas que estejam associadas com a resistência. Este trabalho relata a identificação de proteínas diferencialmente acumuladas no acesso de *C. annuum* UENF 1381, resistente à mancha bacteriana, em comparação com a cv. Jalapeño (suscetível), 12 h após inoculação com *X. euvesicatoria*. As plantas foram cultivadas em casa de vegetação, em vasos de 2 litros, dispostos em fileiras duplas, no delineamento em blocos ao acaso com três repetições. Para a fenotipagem da reação à bactéria, duas folhas por planta foram inoculadas pelo método de infiltração usando agulha e seringa, com uma suspensão de *X. euvesicatoria* na concentração de $1,0 \times 10^5$ UFC.mL⁻¹. As folhas foram coletadas 12 h após a inoculação, maceradas e armazenadas em ultra freezer -80°C. A extração das proteínas foi realizada aplicando-se o método ureia/tioureia. Alíquotas de proteínas foram digeridas com tripsina e analisadas por espectrometria de massas usando nanoLC-MS/MS. Os espectros de massas foram processados usando o workflow PLGS/ISOQuant. As proteínas identificadas foram submetidas a classificação funcional utilizando a ferramenta Blast2GO/OmicsBox. A análise proteômica comparativa revelou um total de 673 proteínas, em que 83 destas foram diferencialmente acumuladas, sendo 32 *up*- e 41 *down*-reguladas. Quatro proteínas foram exclusivas para o acesso resistente (UENF 1381) e seis para o acesso suscetível (cv. Jalapeño). As proteínas diferencialmente acumuladas foram classificadas em 11 processos biológicos, com destaque para o processo metabólico de compostos contendo porfirina (20,87% de proteínas), processo metabólico do peróxido de hidrogênio (12,50% de proteínas), processo metabólico de aldeído celular (12,50% de proteínas) e morte celular programada induzida por simbiote (8,33% de proteínas). A identificação de proteínas diferencialmente acumuladas no acesso resistente poderá melhorar a compreensão dos mecanismos de defesa na interação *Capsicum* – *Xanthomonas* e indicar possíveis proteínas biomarcadoras que estejam relacionadas à resistência genética.

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