

**XU** Congresso Fluminense de Iniciação Científica e Tecnológica

**28<sup>o</sup>**  
Encontro de Iniciação Científica da UENF

**20<sup>o</sup>**  
Circuito de Iniciação Científica do IFFluminense

**16<sup>a</sup>**  
Jornada de Iniciação Científica da UFF



**U III** Congresso Fluminense de Pós-Graduação

**23<sup>a</sup>**  
Mostra de Pós-Graduação da UENF

**8<sup>a</sup>**  
Mostra de Pós-Graduação do IFFluminense

**8<sup>a</sup>**  
Mostra de Pós-Graduação da UFF

## Perfil do acúmulo das principais proteínas envolvidas no combate a espécies reativas de oxigênio durante o desenvolvimento das bagas de videira

Luan C. Corrêa, Eduardo Monteiro, Roberta Pena da Paschoa, Vanildo Silveira e Ricardo Bressan-Smith

O processo de amadurecimento em frutos se desenvolve ao longo do tempo e leva ao declínio das funções fisiológicas, gerando radicais livres que são produzidos durante a respiração aeróbica, ocasionando danos oxidativos e morte. Radicais livres e EROs produzidas nas células levam a diferentes formas de toxicidade como danos no DNA, perda da transição de permeabilidade da membrana mitocondrial, peroxidação lipídica de membranas celulares, desnaturação proteica e inativação enzimática. Há mecanismos celulares que diminuem ou impedem os danos provocados por EROs, denominados antioxidantes, que são enzimáticos (catalase, superóxido dismutase, glutathione redutase e peroxidase) e não enzimáticos (glutathione, polifenóis). A investigação das mudanças bioquímicas e moleculares no mecanismo antioxidante pode revelar novas abordagens no padrão de amadurecimento da baga de uva. O objetivo deste trabalho foi caracterizar o perfil de acúmulo e diferentes participações biológicas das principais enzimas envolvidas nas ações antioxidantes ao longo do processo de amadurecimento da uva, para compreender como as principais formas de combate às EROs se encaixam neste modelo de estudo. Para tal, avaliamos o perfil proteômico das principais enzimas antioxidantes em três estádios de desenvolvimento (EL33, EL35 e EL39 da escala Eichhorn e Lorez modificada) com três repetições biológicas para cada estádio. As análises foram feitas de forma temporal, e *clusters* foram obtidos com o pacote Mfuzz no Rstudio e a função 'mestimate' foi usada para determinar o número mínimo de *clusters*. Identificamos 1.434 proteínas dos três estágios, apresentando isoformas diferentes de catalase, superóxido dismutase, glutathione redutase e glutathione peroxidase com diferentes descrições nas participações biológicas e diferencialmente acumuladas nos diferentes estádios. Os resultados encontrados nesse estudo sugerem que o processo de amadurecimento nas bagas de uva apresenta estratégia adaptativa no combate a EROs que pode nos fornecer pistas sobre novos mecanismos fisiológicos no amadurecimento deste fruto.

Instituição do Programa de PG: Programa de pós-graduação em Produção Vegetal - UENF  
Eixo temático: Crescimento e desenvolvimento de Plantas  
Fomento da bolsa: FAPERJ – UENF

ORGANIZAÇÃO E REALIZAÇÃO:



APOIO:



**XU** Congresso  
Fluminense  
de Iniciação  
Científica e Tecnológica

**28<sup>o</sup>**

Encontro de  
Iniciação  
Científica  
da UENF

**20<sup>o</sup>**

Circuito de  
Iniciação  
Científica do  
IFFluminense

**16<sup>a</sup>**

Jornada de  
Iniciação  
Científica  
da UFF



**UIII** Congresso  
Fluminense de  
Pós-Graduação

**23<sup>a</sup>**

Mostra de  
Pós-Graduação  
da UENF

**8<sup>a</sup>**

Mostra de  
Pós-Graduação  
do IFFluminense

**8<sup>a</sup>**

Mostra de  
Pós-Graduação  
da UFF

## Accumulation of the main proteins involved in detoxification of reactive oxygen species during grape berry development

*Luan C. Corrêa, Eduardo Monteiro, Roberta Pena da Paschoa, Vanildo Silveira e Ricardo Bressan-Smith*

Fruit ripening occurs over time and leads to the decline of physiological functions, generating free radicals that are produced during aerobic respiration, causing oxidative damage and death. Free radicals and ROS produced in cells lead to different forms of toxicity such as DNA damage, loss of mitochondrial membrane permeability, lipid peroxidation of cell membranes, protein denaturation, and enzyme inactivation. Cellular mechanisms decrease or prevent damage caused by ROS, known as antioxidants, which are enzymatic (catalase, superoxide dismutase, glutathione reductase, and peroxidase) and non-enzymatic (glutathione, polyphenols). Investigation on biochemical and molecular changes in the antioxidant mechanism can reveal new approaches to grape berry ripening. The objective of this study was to characterize the accumulation profile and different biological roles of the main enzymes involved in antioxidant actions throughout the grape ripening process, to understand how the main forms of combating ROS fit into this study model. We evaluated the proteomic profile of the main antioxidant enzymes at three developmental stages (EL33, EL35, and EL39 of the modified Eichhorn and Lorez scale) with three biological replicates for each stage. Analyses were carried out temporally, and clusters were obtained with the Mfuzz package in Rstudio, and the 'mestimate' function was used to determine the minimum number of clusters. We identified 1,434 proteins from the three stages, presenting different isoforms of catalase, superoxide dismutase, glutathione reductase, and glutathione peroxidase with different descriptions in biological roles and differentially accumulated in the different stages. The results of this study suggest that the grape berry ripening process presents adaptive strategies for detoxifying ROS, providing clues about new physiological mechanisms in the ripening process of this berry.

ORGANIZAÇÃO E REALIZAÇÃO:



APOIO:

