

## Biomarcadores da infecção de *Passiflora cincinnata* pelo *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV)

**Paulo Roberto Ribeiro de Mesquita<sup>1</sup>, Fábio Neves dos Santos<sup>2</sup>, Marcos Nogueira Eberlin<sup>2</sup>, Frederico de Medeiros Rodrigues<sup>3</sup>, Onildo Nunes de Jesus<sup>4</sup>, Emanuel Felipe Medeiros Abreu<sup>4</sup>, Cristiane de Jesus Barbosa<sup>4</sup>**

<sup>1</sup>Universidade Federal da Bahia, Salvador, prmesquita@gmail.com; <sup>2</sup>Universidade Estadual de Campinas, Campinas, fabioneves\_6@hotmail.com; eberlin@iqm.unicamp.br; <sup>3</sup>Centro Tecnológico da Agropecuária da Bahia-SEAGRI, Salvador, fredericomr@hotmail.com; <sup>4</sup>Embrapa Mandioca e Fruticultura, Cruz das Almas, onildo.nunes@embrapa.br; emanuel.abreu@embrapa.br; cristiane.barbosa@embrapa.br

A doença do endurecimento dos frutos é causada no Brasil, principalmente, pelo *Cowpea aphid-borne mosaic virus* (CABMV) e causa perdas significativas de produção na cultura do maracujá. A identificação de biomarcadores da infecção de espécies silvestres do gênero *Passiflora ssp.* pelo CABMV pode mostrar se as mesmas são mais tolerantes e orientar uma potencial utilização no melhoramento genético do maracujazeiro visando o controle do patógeno. A espécie silvestre *P. cincinnata*, também conhecida como maracujazeiro-do-mato é descrita como mais resistente ao vírus. Este trabalho teve como objetivo a identificação de biomarcadores de infecção ao CABMV em *P. cincinnata*. As plantas foram cultivadas em casa de vegetação, durante cerca de 60 dias, e depois transferidas para fitotron com temperatura, umidade e luminosidade controladas. O delineamento experimental consistiu de 7 blocos contendo 8 plantas cada, sendo 4 plantas sadias e 4 plantas infectadas mecanicamente pelo CABMV. Cada bloco de plantas correspondeu a um tratamento de tempo após à infecção: 0, 3, 5, 8, 12, 20 e 28 dias. Em cada tratamento foi coletada para análise a terceira folha, a partir da base de cada planta. O preparo de amostra consistiu em macerar as folhas em nitrogênio líquido e, do pó triturado, 100 mg foram pesados em tubos de microcentrífuga. Os metabólitos foram extraídos com 1 mL de metanol auxiliado por agitação vortex durante 5 min, e em seguida, centrifugados durante 5 min a 13.000g. O sobrenadante foi filtrado através de um filtro de 0,45 µm e acondicionado em frasco tipo âmbar. Os metabólitos foram analisados usando um sistema LC-MS Agilent 1290 Infinit acoplado com um espectrômetro de massas Agilent 6550 Q-TOF/MS equipado com uma fonte de eletrospray (ESI). Os metabólitos foram separados através de uma coluna UHPLC Kinetex XB-C18 150 x 2,1 mm, de partículas 1,7 µm. A fase móvel de eluição foi constituída de água (A) e acetonitrila (B), em modo gradiente, no qual B variou de 5 a 95% com gradiente constante de 5%/min, e permaneceu em 95% de B por 10 min, com vazão de 0,30 mL/min, totalizando 35 min de corrida. Os cromatogramas foram processados pelo software XCMS e a análise multivariada de componentes principais (PCA) foi aplicada para verificar a tendência de diferenciação das amostras pelos perfis de metabólitos em diferentes tempos de inoculação. Maiores diferenças na expressão de metabólitos foram detectadas nos tempos correspondentes às fases assintomática/sintomática. Os metabólitos identificados foram atribuídos a diferentes classes, principalmente, fenilpropanóides, flavonóides, ácidos graxos, lipídios alcalóides e aminoácidos. A identificação dos principais biomarcadores de infecção ao CABMV na planta *P. cincinnata* mostrou as classes de metabólitos que podem estar relacionadas à maior tolerância desse genótipo. Esse resultado poderá levar a maior entendimento dos processos bioquímicos envolvidos na infecção, bem como poderá auxiliar na identificação de espécies/variedades resistentes ao CABMV.

**Significado e impacto do trabalho:** O trabalho possibilita um maior entendimento acerca dos processos bioquímicos envolvidos na infecção da planta, bem como pode auxiliar na identificação de espécies/variedades resistentes a este patógeno.