CARACTERIZAÇÃO METABOLÔMICA DO LÁTEX DE *Carica papaya* L. POR RMN E GC-MS

João Henrique Leite Mendes[1]*, Gisele Cardoso de Amorim[1], Maíra Fasciotti[2], José Aires Ventura[3], Patricia Machado Bueno Fernandes[4], Silas Pessini Rodrigues[1]

[1]Núcleo Multidisciplinar de Pesquisa em Biologia, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Duque de Caxias, RJ; [2]Laboratório de Análise Orgânica, Instituto Nacional de Metrologia, Qualidade e Tecnologia (Inmetro), Duque de Caxias, RJ; [3]Instituto Capixaba de Pesquisa, Assistência Técnica e Extensão Rural (Incaper), Vitória, ES; [4]Núcleo de Biotecnologia, Universidade Federal do Espírito Santo, Vitória, ES. *profjoaoleite.bio@gmail.com

INTRODUÇÃO

O mamão (*Carica papaya* L.) é um dos principais frutos tropicais exportados mundialmente (FAO, 2026). No Brasil, sua produção é concentrada na Bahia e no Espírito Santo (IBGE, 2022), que enfrentam desafios devido à ocorrência de meleira do mamoeiro, uma doença causada pelo complexo papaya meleira virus (PMeV/PMeV2), que envolve o papaya meleira virus (PMeV), com genoma de dsRNA de ~8 kb) e PMeV2, com genoma de ssRNA, de ~4,5 kb (Sá Antunes *et al*., 2020). Até o presente, o complexo foi observado somente nos laticíferos das plantas doentes.

O látex é um fluido leitoso rico em proteases, produzido e armazenado em células denominadas laticíferos. Em plantas sintomáticas para meleira, o látex apresenta menor viscosidade e é exsudado espontaneamente, quando comparado com o látex de plantas saudáveis. No entanto, o mecanismo de movimentação dos vírus entre os tecidos ainda não está esclarecido (Merchán-Gaitán *et al*., 2024), o que sugere que os laticíferos possam atuar como vias de transporte de partículas virais na planta. O látex possui composição bioquímica complexa, incluindo macromoléculas, como proteínas e açúcares, e diversos metabólitos secundários, como fenóis, terpenos, cardenolídeos e alcaloides (Merchán-Gaitán *et al*., 2024). Entretanto, o metaboloma do látex de *C. papaya* e as variações na abundância de seus metabólitos em resposta ao estresse, especialmente durante a meleira, permanecem desconhecidos.

Elucidar a composição química do látex e as rotas bioquímicas associadas à meleira pode ampliar a compreensão dos eventos biológicos envolvidos na interação entre o complexo papaya meleira virus e os tecidos laticíferos de *C. papaya*. Além disso, esse conhecimento pode subsidiar o desenvolvimento de métodos de diagnóstico precoce, acessíveis e baseados em biomarcadores metabólicos. Nesse contexto, este estudo teve como objetivo caracterizar o perfil metabólico do látex de *C. papaya* por abordagens complementares de Ressonância Magnética Nuclear (RMN) e Cromatografia Gasosa acoplada à Espectrometria de Massas (GC-MS), estabelecendo uma base para estudos posteriores sobre alterações metabólicas associadas à meleira do mamoeiro.

MATERIAL E MÉTODOS

Amostras de látex foram coletadas de frutos provenientes de plantas saudáveis e sintomáticas para meleira em áreas produtoras do norte do Espírito Santo, imediatamente congeladas em nitrogênio líquido e posteriormente liofilizadas. A caracterização metabolômica foi realizada por duas abordagens complementares. Extratos polares foram analisados por RMN de ^{1}H, incluindo experimentos uni e bidimensionais para anotação dos sinais, enquanto extratos orgânicos foram analisados por GC-MS. Os dados obtidos foram processados utilizando plataformas específicas para cada abordagem.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As análises por GC-MS e RMN revelaram perfis metabólicos complexos no látex de *C. papaya*. Os cromatogramas obtidos por GC-MS apresentaram ampla diversidade de sinais, com perfis globais visualmente semelhantes entre amostras provenientes de plantas saudáveis e sintomáticas (Figura 1). A identificação dos compostos detectados por essa abordagem encontra-se em andamento.

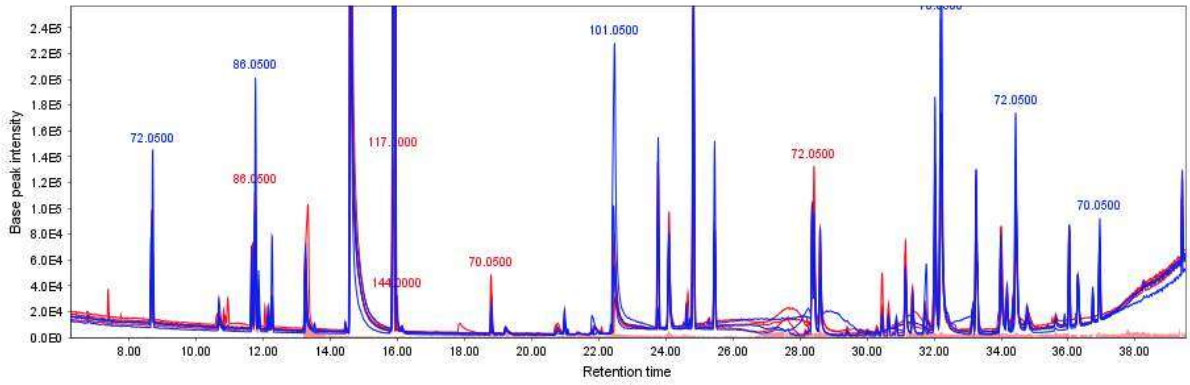


Figura 1 - Cromatograma de metabólitos detectados a partir de amostras de látex de *C. papaya* analisados utilizando-se GC-MS. Amostras saudáveis em azul e amostras sintomáticas em vermelho. n = 3.

De forma complementar, os espectros de RMN de ^{1}H também revelaram elevada complexidade química e ampla sobreposição visual entre os grupos avaliados (Figura 2). A combinação de experimentos uni e bidimensionais permitiu a anotação de dezenas de sinais compatíveis com metabólitos pertencentes a diferentes classes químicas, incluindo aminoácidos e derivados, carboidratos, compostos nitrogenados e ácidos orgânicos.

A elevada representação de aminoácidos e derivados é compatível com a intensa atividade proteolítica característica do látex de *C. papaya* (Rodrigues *et al*., 2012), embora esses compostos também participem de diferentes processos metabólicos e respostas de defesa vegetal (Zeier, 2013). A utilização complementar de

RMN e GC-MS amplia a cobertura química do látex e estabelece uma base analítica para investigar, em etapas posteriores, alterações metabólicas associadas à meleira.

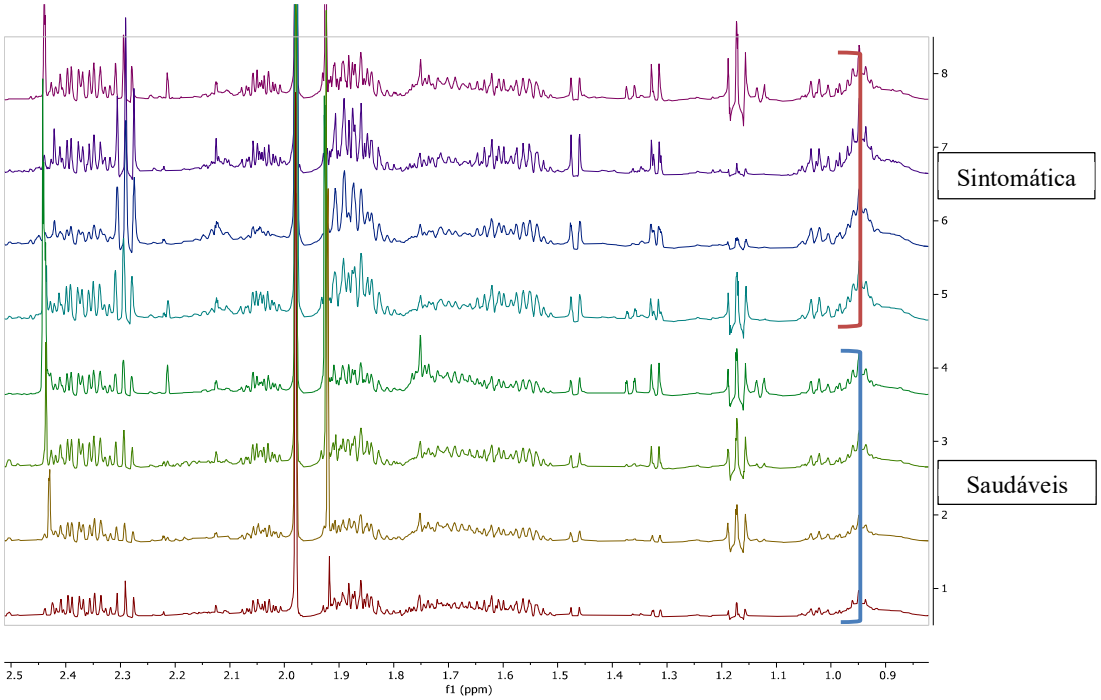


Figura 2 - Espectros 1D de ^{1}H do látex de *C. papaya* sintomáticos e saudáveis, obtidos através de RMN em campo de magnético de 500MHz. *n=4*.

CONCLUSÃO

A combinação de RMN e GC-MS permitiu caracterizar a elevada complexidade metabólica do látex de *C. papaya*, detectando sinais correspondentes a diferentes classes de metabólitos. Os perfis globais apresentaram ampla similaridade visual entre amostras de plantas saudáveis e sintomáticas, indicando a necessidade de análises quantitativas específicas para determinar alterações associadas à meleira. A abordagem estabelecida fornece uma base para a caracterização do metaboloma do látex e para estudos posteriores sobre sua modulação durante a interação com o complexo PMeV/PMeV2.

AGRADECIMENTOS

Agradecemos à Fundação Carlos Chagas Filho de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (FAPERJ) pela bolsa de doutorado concedida a João Henrique Leite Mendes (Processo nº E-26/204.753/2024) e pelo financiamento APQ1-FAPERJ concedido a Silas Pessini Rodrigues (Processo nº 210.334/2024). O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

REFERÊNCIAS

FAO - Food and Agriculture Organization of the United Nations. **Major tropical fruits market review**: preliminary results 2025. Rome: FAO, 2026. Disponível em: https://openknowledge.fao.org/handle/20.500.14283/cd8314en. Acesso em: 28 ago. 2026.

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Produção agropecuária: mamão**. Rio de Janeiro: IBGE, 2022. Disponível em: https://www.ibge.gov.br/explica/producao-agropecuaria/mamao/br. Acesso em: 28 ago. 2026.

MERCHÁN-GAITÁN, J.B.; MENDES, J.H.L.; NUNES, L.E.C.; BUSS, D.S.; RODRIGUES, S.P.; FERNANDES, P.M.B. The role of plant latex in virus biology. **Viruses**, v. 16, n. 1, art. 47, 2024. DOI: 10.3390/v16010047

RODRIGUES, S.P.; VENTURA, J.A.; AGUILAR, C.; NAKAYASU, E.S.; CHOI, H.; SOBREIRA, T.J.P.; NOHARA, L.L.; WERMELINGER, L.S.; ALMEIDA, I.C.; ZINGALI, R.B.; FERNANDES, P.M.B. Label-free quantitative proteomics reveals differentially regulated proteins in the latex of sticky diseased *Carica papaya* L. plants. **Journal of Proteomics**, v. 75, n. 11, p. 3191-3198, 2012. DOI: https://doi.org/10.1016/j.jprot.2012.03.021

SÁ ANTUNES, T.F.; MAURASTONI, M.; MADROÑERO, L.J.; FUENTES, G.; SANTAMARÍA, J.M.; VENTURA, J.A.; ABREU, E.F.; FERNANDES, A.A.R.; FERNANDES, P.M.B. Battle of three: the curious case of papaya sticky disease. **Plant Disease**, v. 104, n. 11, p. 2754-2763, 2020. DOI: https://doi.org/10.1094/PDIS-12-19-2622-FE

ZEIER, J. New insights into the regulation of plant immunity by amino acid metabolic pathways. **Plant, Cell & Environment**, v. 36, n. 12, p. 2085-2103, 2013. DOI: https://doi.org/10.1111/pce.12122