

Os estresses abióticos impostos às plantas no campo, tais como o estresse salino, alta intensidade luminosa, toxidez por alumínio, seca, entre outros, provocam o aumento das espécies reativas de oxigênio (EROs), acarretando uma situação de estresse oxidativo na planta, o que afeta seu crescimento, desenvolvimento e produtividade. A ascorbato peroxidase (APx) é uma das principais enzimas atuando na remoção de EROs nos diferentes compartimentos subcelulares nas células vegetais. Em arroz, oito genes codificam APx e as diferentes isoformas são classificadas de acordo com sua localização subcelular. O objetivo deste estudo foi realizar uma análise proteômica comparativa entre plantas de arroz (da subespécie *Japonica* cultivar Nippombare) não transformadas e duplo silenciadas, por RNA de interferência, para os genes das isoformas cloroplásticas de APx (OsAPx7/OsAPx8), a fim de identificar as proteínas envolvidas no metabolismo antioxidante. Para tanto, extratos de proteínas extraídas das folhas destas plantas foram submetidos à eletroforese bidimensional. Na análise das imagens de géis em pH 4-7 foram identificadas cerca de 200 proteínas. As proteínas diferencialmente expressas foram extraídas do gel, digeridas com tripsina e analisadas por espectrometria de massa, possibilitando suas identificações. Além da análise proteômica, estudo de expressão gênica, por PCR quantitativo em tempo real, visando complementar os dados obtidos está em andamento utilizando as plantas duplo silenciadas (RNAiOsAPx7/OsAPx8) submetidas a diferentes tratamentos.