

## ANÁLISE PROTEÔMICA ASSOCIADA A HETEROSE EM RAÍZES SEMINAIS DE MAMOEIRO (*Carica papaya* L.)

Ellen de Moura Vale<sup>1</sup>, Ricardo de Souza dos Reis<sup>1</sup>, Renato Santa-Catarina<sup>2</sup>, Messias Gonzaga  
Perreira<sup>3</sup>, Vanildo Silveira<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Doutorandos em Genética e Melhoramento de Plantas – UENF/Rio de Janeiro/Brasil - email: [ellenmoura27@gmail.com](mailto:ellenmoura27@gmail.com); <sup>2</sup>Mestrando em Genética e Melhoramento de Plantas – UENF/Rio de Janeiro/Brasil; <sup>3</sup>Professor Titular - LMGV/CCTA/UENF/Rio de Janeiro/Brasil; <sup>4</sup>Professor Associado LBT/CBB/ UENF/Rio de Janeiro/Brasil.

O desenvolvimento de híbridos comerciais de mamoeiro é de grande importância para o aumento da produção e potencial agrícola da cultura. No entanto, os mecanismos de heranças dos caracteres de interesse agrônomo ainda são mal compreendidos. Assim o objetivo desse trabalho foi identificar e quantificar as proteínas de raízes seminais de um híbrido de mamoeiro e suas linhagens parentais a fim de identificar as proteínas associadas com a manifestação precoce da heterose. No presente estudo, as proteínas de raízes seminais de 2-4 centímetros do híbrido 'JS12' do grupo formosa x 'São Mateus' do grupo solo e suas linhagens parentais 'JS12' e 'São Mateus' foram extraídas utilizando o método de TCA/acetona, digeridas, dessalinizadas e posteriormente analisadas em um espectrômetro de massas Synapt G2-Si HDMS conectado a um UPLC nanoAcquity. As proteínas foram identificadas usando o programa Progenesis QI V.2.0. A expressão das proteínas do híbrido foi comparada a expressão dos parentais pelo teste t, foram classificadas quanto a sua expressão através do teste SNK e submetidas à análise funcional pelo programa Blast2GO. Foram identificadas 939 proteínas, dentre elas, 921 foram comuns aos três genótipos, quatro comuns apenas ao genótipo híbrido e ao progenitor feminino 'JS12', dez apenas ao genótipo híbrido e ao progenitor masculino 'São Mateus', duas exclusivas do progenitor 'JS12', uma comum apenas aos progenitores e uma foi encontrada apenas no híbrido, indicando uma possível ação epistática. Duzentas e noventa e oito proteínas apresentaram expressão não aditiva, quando sua expressão diferiu estatisticamente da média dos pais. Essas proteínas foram classificadas de acordo com sua expressão em relação aos parentais. Um total de 72,4%; destas proteínas apresentaram subdominância, expressão inferior aos pais, e; 23,9% sobredominância, expressão acima do melhor pai, e; 3,7% dominância, expressão igual ao melhor pai. As proteínas com expressão não aditiva de sobredominância, candidatas a proporcionar o vigor híbrido durante o desenvolvimento inicial do mamoeiro foram submetidas a classificação funcional, resultando em 14 classes funcionais, sendo as mais representativas, processos celulares, processos metabólicos e resposta a estímulos, respectivamente, 62, 60 e 43 proteínas cada categoria. Foram identificadas 15 proteínas relacionadas ao desenvolvimento da raiz, destas, oito foram mais expressas no híbrido do que em suas linhagens parentais indicando a importância de proteínas desta categoria no incremento de vigor do híbrido durante o desenvolvimento das raízes do mamoeiro.

**Palavras-chave:** proteoma; shotgun; vigor híbrido; mamoeiro.