

ANÁLISE PROTEÔMICA DA GERMINAÇÃO DE SEMENTES DE *Cariniana legalis*

Bianca Machado Campos¹; Ricardo de Souza dos Reis¹; Ellen de Moura Vale¹; Claudete Santa-Catarina²; Vanildo Silveira²

¹Doutorandos em Genética e Melhoramento de Plantas- UENF/Campos dos Goytacazes-RJ/Brasil. Bolsista CAPES-email:biancamachado@hotmail.com; ²Professores da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro- UENF/ Campos dos Goytacazes-RJ/Brasil.

Cariniana legalis, conhecida popularmente como jequitibá-vermelho, espécie nativa da Mata Atlântica, encontra-se na categoria vulnerável de extinção devido à sua intensa exploração econômica. Suas sementes perdem viabilidade à medida que se prolonga o armazenamento dificultando a utilização dessa espécie em programas de melhoramento genético e reflorestamento. Estudos em proteômica podem auxiliar no entendimento dos diferentes processos bioquímicos que ocorrem durante o processo germinação da semente. Entretanto, não há nenhum trabalho envolvendo a proteômica durante a germinação em *C. legalis*. O objetivo deste trabalho foi estudar os diferentes aspectos morfológicos e proteômicos envolvidos durante a germinação de sementes de *C. legalis*. As sementes foram submetidas à germinação coletando-se amostras no tempo 0 (controle) e nos tempos 2, 4, 6, 8, 10, e 12 dias após a embebição. As proteínas foram extraídas em tampão Urea/Tiourea e submetidas à eletroforese bidimensional. Os géis foram corados com coomassie coloidal (G-250), digitalizados e analisados, utilizando-se o software Image Master Platinum v.7. Os spots selecionados foram identificados utilizando um espectrômetro de massas Synapt G2-Si HDMS, conectado a um UPLC nanoAcquity. Os dados foram processados usando o programa ProteinLynx Global Service e o banco de dados Asterids, Eudicotyledonea e Viridiplantae. As proteínas identificadas foram classificadas de acordo com sua função biológica utilizando o programa Blast2GO v3.0. Foram encontrados 103 spots diferencialmente expressos ao nível de 95% de significância ($p \leq 0,05$) e com expressão acima de 2x, que foram selecionados para a identificação de proteínas. Destes, 56 proteínas foram identificadas, 23 não caracterizadas e 24 não identificadas. As proteínas foram classificadas em 13 grupos funcionais. Destes, as classes mais representativas foram, processos metabólicos (16%), contendo, por exemplo, rubisco, enolase, fosfoglicerato quinase, seguidos do grupo de processos celulares (15%), endoquitinase, catalase, heat shock protein, tRNA pseudouridina sintase, e o grupo single-organism process (14%), ATPase, Beta-hidroxiacil-ACP, Superóxido dismutase. Além da formação do grupo de proteínas de reserva, que contém (11%) proteínas albumina, proteínas da família da legumina e globulina, sendo esta última predominante. As proteínas, em grande maioria, estiveram presentes ao longo de todo o processo germinativo, tendo expressão diminuída à medida que se prolongava a germinação, o que demonstra a importância delas em todas as etapas. A germinação de sementes é um processo que exige muita energia, principalmente em função da respiração. Neste contexto, a maioria das proteínas identificadas estava relacionada à glicólise, ciclo de Krebs, cadeia respiratória, produção de ATP e síntese de proteínas, todas de suma importância para a completa continuidade do desenvolvimento da plântula.

Palavras-chave: sementes; germinação; proteômica; eletroforese bidimensional