

Análise proteômica comparativa durante a maturação de culturas embriogênicas de *Araucaria angustifolia*.

Andrade, Julia Bolanho da Rosa^{1,2}; Dias, Leonardo Lucas Carnevalli²; Balbuena, Tiago Santana²; Santa-Catarina, Claudete²; Floh, Eny lochevet Segal²; Silveira, Vanildo³.

¹Estudante de Iniciação Científica – FAPESP. E-mail : juliabolanho@yahoo.com.br; ²Laboratório de Biologia Celular de Plantas (BIOCEL), Depto. de Botânica, IB/USP. CP. 11461, CEP 05.422-970, São Paulo-SP, Brasil. Fone: (11) 3091-8062; ³Laboratório de Biotecnologia (LBT), CBB/UENF, Av. Alberto Lamego, 2000. CEP 28.013-602, Campos dos Goytacazes-RJ, Brasil. Fone: (22) 2726-1420. E-mail: vanildo@uenf.br.

A evolução morfogênica dos embriões, durante a embriogênese em plantas, é acompanhada por uma intensa síntese de proteínas LEAs (proteínas da embriogênese tardia) e proteínas de reserva que possuem papel fundamental durante a fase de maturação. O objetivo deste trabalho foi avaliar o efeito do ABA e dos agentes osmóticos, polietilenoglicol (PEG) e maltose, na expressão diferencial de proteínas durante a maturação de culturas embriogênicas de *A. angustifolia*. Culturas embriogênicas de *A. angustifolia* foram submetidas a cinco tratamentos de maturação: 1) Controle, meio de cultura BM; 2) ABA, meio BM suplementado com ABA (200 µM); 3) PEG, meio BM suplementado com PEG (9%); 4) Maltose, meio BM suplementado com maltose (9%) e; 5) APM, meio BM suplementado com ABA (200 µM), PEG (9%) e maltose (9%). Após 60 dias de cultivo as proteínas totais foram extraídas com tampão uréia:tiouréia (7M:2M), seguido de precipitação em 10% ácido tricloroacético (TCA)/acetona. Alíquotas de 120 µg de proteínas foram isofocalizadas em tiras de gel IPG (gradiente imobilizado de pH) de 11 cm e faixa de pH 4-7, sendo posteriormente submetidas à separação eletroforética em gel de poliacrilamida SDS-PAGE 12%. As proteínas foram visualizadas pela coloração com prata e os géis analisados através do programa Image Master 2-D Platinum[®]. O tratamento PEG resultou na expressão de maior número de proteínas (420 polipeptídeos), enquanto a adição de ABA apresentou 164 polipeptídeos. Os demais tratamentos: Controle, Maltose e APM apresentaram, respectivamente, 347, 322 e 273 polipeptídeos. Todos os tratamentos apresentaram predominância de proteínas com peso molecular entre 30 kDa e 60 kDa. O tratamento suplementado com Maltose apresentou maior porcentagem de polipeptídeos de alto peso molecular (31,4%) quando comparado com os demais tratamentos. A identificação das proteínas expressas diferencialmente pode contribuir para a compreensão do desenvolvimento embrionário, além de auxiliar na otimização dos protocolos de maturação das culturas embriogênicas em *A. angustifolia*. (FAPESP, CNPq)

PALAVRAS-CHAVES :

Araucaria angustifolia, proteômica, eletroforese bidimensional, embriogênese somática, ácido abscísico.