

IDENTIFICAÇÃO DE PROTEÍNAS ENVOLVIDAS NA AQUISIÇÃO DE COMPETÊNCIA EMBRIOGÊNICA EM DENDEZEIROS (*Elaeis guineensis* Jacq. var. *tenera*) UTILIZANDO PROTEÔMICA SHOTGUN

^{1,2}Daiane Gonzaga Ribeiro; ^{1,2}Raphael Ferreira Almeida; ¹Wagner Fontes; ¹Mariana de Souza Castro; ¹Marcelo Valle de Sousa; ¹Carlos André Ornelas Ricart; ^{1,2}Jonny Everson Scherwinski Pereira; ^{1,2}Angela Mehta;

¹Universidade de Brasília – UnB, Instituto de Biologia, Campus Darcy Ribeiro;
²Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia EMBRAPA, Brasília, DF, Brasil.
daianeribeiro92@gmail.com

O dendezeiro (*Elaeis guineensis* Jacq.), pertencente à família Arecaceae, é uma planta oleaginosa e perene de relevante importância econômica, pois o seu fruto possui alto teor de óleo vegetal. *E. guineensis* possui um único meristema apical e não apresenta formas convencionais de propagação vegetativa, sendo a propagação realizada apenas por sementes. Desta forma, um dos métodos mais utilizados para a propagação vegetativa do dendezeiro é a embriogênese somática (ES) *in vitro*. Para compreender melhor o processo da ES, estudos genômicos e proteômicos vêm sendo realizados com a finalidade de obter marcadores moleculares para a detecção de competência embriogênica. Entretanto há poucos trabalhos que mostram a expressão de proteínas relacionadas a esse processo. O objetivo do presente estudo foi identificar as proteínas diferencialmente abundantes entre genótipos de dendezeiro contrastantes quanto à aquisição de competência embriogênica, por meio da proteômica *Shotgun*. Foram utilizadas folhas aclorofiladas de dendezeiro de dois genótipos, submetidas ao processo de indução de calos. O material foi coletado em triplicata biológica nos tempos 14 e 90 dias durante a etapa de indução de calos em cada genótipo. Proteínas totais foram extraídas com fenol e precipitadas com acetato de amônio em metanol. Para análise LC-MS/MS as proteínas extraídas foram solubilizadas com bicarbonato de amônio e digeridas com tripsina. As proteínas digeridas foram injetadas no equipamento ESI-LC-MS/MS (*Thermo Scientific*). A análise de dados foi realizada por meio do software *Progenesis® QI for proteomics (Nonlinear Dynamics)* e a identificação das proteínas por meio do software *Peaks® (Bioinformatics Solutions)*. Este estudo revelou um total de 3372 proteínas, sendo 263 proteínas diferencialmente abundantes. Com a análise dos resultados foi possível observar diversas proteínas relacionadas com o metabolismo energético como a álcool desidrogenase, enolase e gliceraldeído 3-fosfato desidrogenase. Essas proteínas já têm sido reportadas em outros estudos da ES mostrando que, algumas atividades celulares em condições *in vitro* exigem altos níveis de energia, o que explica a alta abundância relativa dessas proteínas de metabolismo energético durante o desenvolvimento da ES. (CAPES, CNPq, EMBRAPA, FAPDF)

Palavras-chave: Embriogênese somática, LC-MS/MS, proteínas diferenciais.