

# Proteômica de folhas de arroz (*Oryza sativa* L.) tolerante ao estresse hídrico

Rabello, FR<sup>1</sup>; Rabello, AR<sup>1</sup>; Rangel, PHN<sup>2</sup>; Guimarães, CM<sup>2</sup>; de Souza, EM<sup>3</sup>; Pedrosa, F<sup>3</sup>; Ferreira, ME<sup>4,5</sup>; Mehta, A<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Universidade de Brasília. Brasília-DF

<sup>2</sup>Embrapa Arroz e Feijão. Goiânia-GO

<sup>3</sup>Universidade Federal do Paraná

<sup>4</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. Brasília-DF

<sup>5</sup>Universidade Católica de Brasília. Brasília-DF

amehta@cenargen.embrapa.br

**Palavras-chave:** Expressão diferencial, *Oryza sativa*, estresse hídrico, 2-DE

O arroz (*Oryza sativa* L.) é um dos cereais mais cultivados no mundo e cerca de três bilhões de pessoas dependem desta cultura para sua nutrição. Desta forma, existe a necessidade de aumentar o potencial de produtividade desta cultura, porém o estresse hídrico é um fator limitante à sua produção e à estabilidade do seu rendimento. O objetivo deste trabalho foi encontrar proteínas diferencialmente expressas em folhas da variedade Três Meses Antigo, tolerante ao déficit hídrico. O experimento foi realizado submetendo a variedade de arroz de sequeiro a dois tratamentos, um mantendo-se as condições hídricas adequadas, ou seja, reposição de 100% da água evapotranspirada e outro aplicando-se um estresse hídrico, com reposição de apenas 50% da água evapotranspirada. Após vinte dias nestas condições, foram coletadas folhas para extração de proteína. O proteoma da variedade de arroz de sequeiro Três Meses Antigo foi analisado utilizando a eletroforese bidimensional (2-DE) e espectrometria de massa, a fim identificar proteínas possivelmente envolvidas na tolerância à seca. Foi observado um total de aproximadamente 300 proteínas variando em tamanho de 10 a 220 kDa e em pH de 4-7. A comparação dos perfis de proteínas expressas na condição controle e sob estresse hídrico revelou uma maior intensidade das proteínas na condição de estresse. Cerca de 70 proteínas foram excisadas dos géis e analisadas por espectrometria de massa. Um total de 45 proteínas foram identificadas, incluindo algumas diretamente relacionadas ao estresse hídrico.