

22<sup>o</sup> Encontro de  
Iniciação Científica  
da UENF14<sup>o</sup> Circuito de  
Iniciação Científica  
do IFFluminense10<sup>a</sup> Jornada de  
Iniciação Científica  
da UFF

IX

Congresso  
Fluminense de  
Iniciação Científica e  
Tecnológica

II

Congresso  
Fluminense de  
Pós-Graduação17<sup>a</sup> Mostra de  
Pós-Graduação  
da UENF2<sup>a</sup> Mostra de  
Pós-Graduação  
do IFFluminense2<sup>a</sup> Mostra de  
Pós-Graduação  
da UFF

Ciência, tecnologia e inovação no Brasil: desafios e transformações

## Análise proteômica do suco de maracujá (*Passiflora edulis* Sims) in natura: ênfase na busca de proteínas com função defensiva

Nina Reis Soares<sup>1</sup>, Viviane Abrantes Perdizio<sup>1</sup>, Jonas Perales<sup>2</sup>, Tânia Jacinto Freitas da Silva<sup>1</sup>.

Os maracujás pertencem à Família Passifloraceae, gênero *Passiflora* que é caracterizado por uma grande diversidade morfológica, compreendendo em 530 espécies sendo aproximadamente 150 nativas. O Brasil tem a maior produção de maracujá azedo (*Passiflora edulis* Sims) do mundo sendo majoritariamente destinada a indústria de produção de sucos, sua principal demanda comercial é interna, porém com rápido crescimento para o mercado internacional por causa de seu sabor exótico. Um estudo sobre mecanismos de defesa constitutiva da planta é necessário para o esclarecimento de como plantas são capazes de viver sobre o ataque de predadores, sendo a proteômica a técnica utilizada para analisar a composição da polpa de frutas comercializadas, se há a presença de proteínas ligadas com a defesa vegetal. As proteínas da polpa foram extraídas em uma solução contendo fenol, solubilizadas e focalizadas isoelectricamente numa faixa de pH 4-7, e uma segunda dimensão foi realizada com uma malha de poliacrilamida de 12,5%. Após, os géis 2D-PAGE foram analisados utilizando o software ImageMaster 2D platinum 7.0, tendo os spots de interesse selecionados e posteriormente coletados. Após a coleta, eles são digeridos com tripsina e os fragmentos de peptídeos são levados ao espectrômetro de massas do tipo MALDI-TOF-TOF, utilizando o método MS/MS. Os resultados obtidos são comparados com o banco de dados (MASCOT), e validadas pelo Scaffold. As proteínas identificadas foram separadas por atividade biológica. Foram identificados por 2D-PAGE 128 spots reprodutíveis e dentre eles 71 classificados em 10 categorias: resposta ao estresse, a resposta à dessecação, a resposta ao estresse salino, transporte, alérgeno, regulação biológica, processo de biossíntese, processo celular, metabolismo, desenvolvimento do pólen. A maior porcentagem de proteínas é pertencente ao grupo de processos metabólicos com 30%, provavelmente envolvidas no desenvolvimento normal dos frutos, em segundo lugar estão as proteínas de resposta ao stress com 18%. Este trabalho fornece informações proteômicas, que podem ser de interesse para o estudo de fisiologia dos frutos, pois caracteriza principalmente defesa e desenvolvimento dos frutos.

Palavras-chave: Maracujá, Defesa Vegetal, Proteômica.

Ex.: CNPq, FAPERJ, UENF.