

XU Congresso Fluminense de Iniciação Científica e Tecnológica

28^o

Encontro de Iniciação Científica da UENF

20^o

Circuito de Iniciação Científica do IFFluminense

16^a

Jornada de Iniciação Científica da UFF



UIII Congresso Fluminense de Pós-Graduação

23^a

Mostra de Pós-Graduação da UENF

8^a

Mostra de Pós-Graduação do IFFluminense

8^a

Mostra de Pós-Graduação da UFF

Assinaturas proteômicas dependentes de tempo envolvidas na iniciação de calos embriogênicos de *Carica papaya*

Lucas Rodrigues Xavier, Caio Cezar Guedes Corrêa, Roberta Pena da Paschoa, Karina da Silva Vieira, Daniel Pacheco, Lucas do Espírito Santo Gomes, Bárbara Cardoso Duncan, Laís dos Santos Conceição, Vitor Batista Pinto, Vanildo Silveira

O custo da produção de *Carica papaya* por meio da propagação seminífera é elevado pela segregação sexual, o que torna as técnicas de cultivo *in vitro* alternativas mais atraentes para a propagação clonal. A indução de calos embriogênicos com ácido 2,4-diclorofenoxiacético (2,4-D) pode permitir a clonagem em larga escala, mas os mecanismos moleculares envolvidos nesse processo ainda não são bem compreendidos. Neste estudo, conduzimos uma análise temporal do proteoma de *C. papaya* para identificar os principais atores na diferenciação de calos embriogênicos. Embriões zigóticos foram usados como explantes para indução de calos embriogênicos em meio de cultura com 20 μ M 2,4-D. Proteínas totais foram extraídas dos explantes iniciais e calos embriogênicos induzidos nos tempos 0, 7, 14 e 21 dias (T0, T7, T14 e T21) de indução, sendo identificadas 1407 proteínas por meio de abordagem proteômica *bottom-up*. A análise proteômica comparativa revelou 957 proteínas com diferenças de acúmulo significativo ($p < 0,05$ e $\text{Log}_2\text{Fold Change} > 0,585$ ou $< -0,585$) em pelo menos uma comparação entre os tempos de indução observados. A análise de agrupamento evidenciou quatro *clusters* com padrões distintos de acúmulo de proteínas durante a indução de calos embriogênicos. O *cluster* 1 apresentou 383 proteínas diferencialmente acumuladas (DAPs) em todos os tempos analisados após o tratamento com 2,4-D. Em contraste, o *cluster* 2 apresentou 159 proteínas que diminuem em abundância ao longo do tempo de indução. O *cluster* 3 contém proteínas que são mais abundantes logo após o início da incubação em 2,4-D (T7) e o *cluster* 4 agrupou proteínas que se acumulam após T14. A análise funcional revelou que proteínas envolvidas no armazenamento de reservas e na maturação de sementes são mais abundantes no explante em T0 e diminuem à medida que a formação do calo avança. Os processos biológicos que envolvem o metabolismo de carboidratos e aminoácidos, a respiração aeróbica e os processos catabólicos de proteínas foram enriquecidos ao longo da indução com 2,4-D. As proteínas regulatórias, incluindo histona desacetilase HDT3 e argonauta 1, foram mais abundantes após o início do tratamento de indução com 2,4-D, sugerindo sua função na aquisição da competência embriogênica. As redes de interação proteína-proteína associadas à fosforilação oxidativa, à resposta hormonal, ao metabolismo de SAM e às proteínas reguladoras 14.3.3 foram preditas e acumuladas durante a indução de calos embriogênicos. Nossas descobertas revelam como a modulação do proteoma ocorre na iniciação do calo embriogênico e identificam proteínas regulatórias que podem ser utilizadas como alvo para otimizar esse processo.

Instituição do Programa de IC, IT ou PG: UENF
Eixo temático: Biotecnologia Vegetal
Fomento da bolsa (quando aplicável): FAPERJ

ORGANIZAÇÃO E REALIZAÇÃO:



APOIO:



XU Congresso Fluminense de Iniciação Científica e Tecnológica

28^o

Encontro de Iniciação Científica da UENF

20^o

Circuito de Iniciação Científica do IFFluminense

16^a

Jornada de Iniciação Científica da UFF



UIII Congresso Fluminense de Pós-Graduação

23^a

Mostra de Pós-Graduação da UENF

8^a

Mostra de Pós-Graduação do IFFluminense

8^a

Mostra de Pós-Graduação da UFF

Time-dependent proteomic signatures of embryogenic callus initiation in *Carica papaya*

Lucas Rodrigues Xavier, Caio Cezar Guedes Corrêa, Roberta Pena da Paschoa, Karina da Silva Vieira, Daniel Pacheco, Lucas do Espírito Santo Gomes, Bárbara Cardoso Duncan, Laís dos Santos Conceição, Vitor Batista Pinto, Vanildo Silveira

The cost of *Carica papaya* production through seed-based propagation is increased by sex segregation, making *in vitro* techniques a more appealing option for clonal propagation. Inducing embryogenic callus with 2,4-dichlorophenoxyacetic acid (2,4-D) hold the potential to large-scale cloning, although the molecular mechanisms underlying this process are still not well understood. In this study, we performed a temporal analysis of the *C. papaya* proteome to identify the key players involved in embryogenic callus differentiation. Mature zygotic embryos were used as explants and treated with 20 μ M 2,4-D to induce embryogenic callus. Total proteins were extracted at 0, 7, 14, and 21 days (T0, T7, T14, and T21), and 1407 proteins were identified using bottom-up proteomic approach. Comparative proteomics revealed 957 differentially accumulated proteins (DAPs) ($p < 0.05$ and $\log_2FC > 0.585$ or < -0.585) in at least one comparison between the analyzed induction times points. The clustering analysis revealed four clusters with distinct patterns of protein accumulation throughout the embryogenic callus induction treatment. The cluster 1 contains 383 DAPs that accumulated at all analyzed times after treatment with 2,4-D. In contrast, cluster 2 contains 159 DAPs that decrease in abundance during the induction. The cluster 3 contains proteins that are most abundant just after the start of incubation in 2,4-D (T7) and cluster 4 grouped proteins that accumulate after T14. Functional analysis revealed that proteins involved with reserve storage and seed maturation were more abundant in the explant at T0 and decreased as callus formation progressed. Biological processes involving carbohydrate and amino acid metabolism, aerobic respiration, and protein catabolic processes were enriched after treatment with 2,4-D. Regulatory proteins, including histone deacetylase HDT3 and argonaute 1, were more abundant after the start of induction treatment with 2,4-D, suggesting their role in acquisition of embryogenic competence. We predicted protein-protein interaction networks associated with oxidative phosphorylation, hormone response, SAM metabolism, and regulatory proteins 14.3.3 accumulated during callus induction. Our findings emphasize the proteome modulation during embryogenic callus initiation and identify regulatory proteins that may be targeted to induce this process.

Institution of the IC, IT, or PG Program: UENF
Thematic axis: Plant Biotechnology
Scholarship funding (when applicable): FAPERJ

ORGANIZAÇÃO E REALIZAÇÃO:



APOIO:

