

Descripción del proteoma de bellota de la encina (*Quercus ilex*) mediante extracción secuencial de proteínas y análisis por LC-MS

María Cristina Romero Rodríguez¹, Jesús Jorrín-Novo¹, Ana M. Maldonado-Alconada¹

¹ Grupo de Bioquímica y Proteómica Vegetal y Agrícola, Depto Bioquímica y Biología Molecular, Universidad de Córdoba, España, Campus de Excelencia Internacional Agroalimentaria (ceiA3)

bb2maala@uco.es

Se ha utilizado una aproximación de proteómica basada en la extracción secuencial de proteínas, SDS-PAGE y LC-MS in tandem para caracterizar el proteoma de la bellota de *Quercus ilex*. Hemos optimizado el protocolo clásico de Osborne (1924) de extracción de proteínas basado en criterios de solubilidad diferencial [1], obteniendo las siguientes fracciones: albúminas, globulinas, prolaminas y glutelinas. El rendimiento total fue de 13,9 mg g⁻¹ de peso seco, lo que representa el 30% del contenido total de proteínas determinado previamente mediante análisis de espectroscopía de infrarojo cercano (NIRS) [2], siendo la fracción de glutelinas la mayoritaria (98 %). El análisis mediante MALDI-TOF/TOF y LC-MALDI-TOF/TOF de las bandas proteicas más intensas permitieron la identificación de proteínas de reserva y defensa. El análisis LC-MS in tandem de las distintas fracciones permitió la identificación de 509 proteínas pertenecientes a diversas categorías funcionales: reserva, metabolismo, producción de energía, defensa, sistema antioxidante, señalización y regulación de la expresión génica, metabolismo del DNA y proteínas, biogénesis de la pared celular, citoesqueleto, ciclo celular y transporte. Estos resultados nos han permitido establecer el primer proteoma de referencia de bellota de encina, que servirá como punto de partida para futuros análisis relacionados con la identificación de marcadores que permitan discriminar poblaciones, cambios durante el proceso de germinación y características de interés como la calidad nutricional y capacidad de germinación de la semilla o respuesta a estreses.

[1] Osborne TB. 1924. The Vegetable Proteins, Longmans, Green, London.

[2] Valero-Galvan J, Jorrin-Novo J, Gomez-Cabrera A, Ariza D, García-Olmo J y Navarro-Cerrillo RM. Population variability and mother tree selection in holm oak (*Quercus ilex* L. subsp. *ballota* [Desf.] Samp) based on acorn morphometry and chemical composition. European Journal of Forest Research 2011. DOI:10.1007/s10342-011-0563-8.

Proyecto AGL2009-12243-C02-02 (co-financiación FEDER) y Junta de Andalucía. MCRR ha disfrutado una beca de la "Fundación Carolina" (Universidad de Córdoba-Universidad Nacional de Asunción, Paraguay).