



TRABALHOS CIENTÍFICOS

AREA TEMÁTICA: BIOTECNOLOGIA

377-4 - ANÁLISE DA EXPRESSÃO GÊNICA EM DIFERENTES ÓRGÃOS FLORÍFEROS DO ALGODOEIRO GOSSYPIUM HIRSUTUM VAR. LATIFOLIUM

Liziane Maria de Lima¹, Morganna Pollyne Nóbrega Pinheiro², Vandrê Guevara Lyra Batista², Péricles de Albuquerque Melo Filho³, Roseane Cavalcanti Santos¹

¹ *CNPA - Embrapa Algodão*, ² *RENORBIO/ UFRPE - Rede Nordeste de Biotecnologia/ UFRPE*, ³ *UFRPE - Universidade Federal Rural de Pernambuco*

Resumo:

As informações disponíveis na área genômica têm possibilitado oportunidades de contribuições para o melhoramento genético de várias culturas, especialmente as grandes *commodities*. O isolamento de novos genes bem como o entendimento de suas funções é primordial para trabalhos associados à expressão gênica ou transgenia com a finalidade de auxiliar as demandas primárias estabelecidas nos programas de melhoramento do algodão. No presente estudo, seis genes (*GhASH*, *GhFIB010*, *GhGLUC*, *GhMYB*, *GhOVU* e *GhUDP*), identificados em estudos prévios a partir de uma biblioteca subtrativa de botão floral do algodoeiro, foram avaliados quanto à expressão tissular. A partir do início da floração, aos 45 dias, foram coletados tecidos reprodutivos de botões florais com 10 mm, representados por brácteas, sépalas, pétalas, anteras e óvulos, posteriormente foi extraído o RNAm e sintetizado o cDNA utilizando kits. Para as análises quantitativas via RT-qPCR foi utilizado o termociclador *Eco™ Real-Time PCR System* (Illumina). Todas as reações foram feitas em triplicata experimental e os dados brutos de fluorescência para determinação da curva de Melt, valores de Cts e os gráficos foram gerados automaticamente pelo termociclador. Para normalização da reação foram utilizados os genes constitutivos *GhACT* (Actina), *GhUBQ14* (poliubiquitina) e *GhPP2A* (*subunidade catalítica de fosfatase 2A*), e para análise do padrão gerado foi utilizado a quantificação relativa. De maneira geral, a expressão relativa foi mais acentuada nos gametófitos para a maioria dos genes, exceto para o gene *GhGLUC* com expressão mais acentuada em pétalas. Os genes *GhOVU* e *GhUDP* exibiram um perfil de expressão mais distinto quando comparado com os demais, com expressão predominante em óvulos e anteras, respectivamente, corroborando com a função dos genes da classe homeobox (HB), homólogo ao gene *GhOVU*, cuja a função está diretamente envolvida com o desenvolvimento de óvulos e com a classe de genes *UDP-glicosiltransferases*, homólogo ao *GhUDP*, que atuam na formação dos grãos de pólen. Para o gene *GhMYB* a expressão foi limitada e quase que basal em pétalas, óvulos e anteras. Os resultados obtidos neste trabalho fornecem informações relevantes da expressão de diferentes genes em tecidos florais de algodoeiro, podendo atuar em diversos processos de formação e/ou desenvolvimento dos órgãos floríferos, sobretudo em anteras e óvulos. Estudos adicionais para caracterização funcional desses genes promissores e isolamento de suas regiões reguladoras *upstream* tornam-se necessários a fim de contribuir com os avanços do melhoramento genético dessa oleaginosa.

Palavras-chave:

Algodão, tecidos reprodutivos, transcriptoma, RT-qPCR

Apoio:

Embrapa e Capes

