

## ENVOLVIMENTO DO GENE *ARP* (AUXIN REPRESSED PROTEIN) NA DORMÊNCIA DE SEMENTES DE AMENDOIM

*Maria de Fátima Caetano da Silva*<sup>1</sup>; *Taiza da Cunha Soares*<sup>2</sup>; *Rosa Maria Mendes Freire*<sup>3</sup>; *Liziane Maria Lima*<sup>3</sup>; *Carliane Rebeca Coelho da Silva*<sup>4</sup>; *Roseane Cavalcanti dos Santos*<sup>3</sup>.  
**E-mail:** fatimaketano@gmail.com

<sup>(1)</sup>Programa de Pós-Graduação em Ciências Agrárias; <sup>(2)</sup>Renorbio UFRPE; <sup>(3)</sup>Embrapa Algodão; <sup>(4)</sup>UFPB/Embrapa Algodão

### RESUMO

O amendoim (*Arachis hypogaea*) é uma importante oleaginosa para o setor alimentício devido ao elevado valor nutricional e ao óleo. A lavoura é conduzida com genótipos eretos e rasteiros que atendem ao mercado. Os genótipos rasteiros são de elevada produtividade, porém as sementes possuem elevado nível de dormência que limita sua aceitação por alguns produtores. O processo de dormência é desencadeado devido a alguns passos metabólicos que impedem a síntese de proteínas e transporte de reservas para o embrião. A regulação envolve vários genes que atuam ativando ou reprimindo a ação de hormônios endógenos, como os genes da família *ARP* (auxin repressor protein) que estão diretamente envolvidos com regulação da auxina em algumas espécies. Ele regular a auxina, que é um fito-hormônio responsável pelo desenvolvimento e crescimento das células vegetais. Com intuito de identificar a expressão desse gene em genótipos eretos e rasteiros de amendoim, realizou-se o presente trabalho, adotando-se a ferramenta de RT-qPCR. RNAs de embriões e cotilédones de quatro genótipos de amendoim (LGoPE-06, IAC Caiapó, L7 Bege e BR1) foram extraídos e as reações de RT-qPCR foram realizadas com o kit Syber Green Rox Plus Master Mix 2X (LGC). Os primers ARP-1F e ARP-1R foram desenhados a partir da sequência do gene depositada no NCBI (NC\_003071.7). Três genes endógenos de amendoim foram usados nas reações ( $\beta$ -actina, ubiquitina e PP2A). As reações de RT-qPCR foram realizadas no termociclador do Real-Time System Eco™ PCR (Illumina), em triplicata experimental e biológica. As análises de expressão gênica foram realizadas utilizando o programa qBASEPlus. Os gráficos, Cq e curva de dissociação foram gerados automaticamente, com base no método de normalização com um gene de referência,  $\Delta\Delta Cq$ . Verificou-se que o LGoPE-06 revelou uma expressão do ARP em embrião de 10 mil vezes em relação ao genótipo L7 Bege (não-dormente) e em cotilédones 8 mil vezes que o L7 Bege, o que corrobora com o que se vê em campo, onde esse genótipo leva entre 10-17 dias para emergir. A cv. IAC Caiapó possui alta dormência em campo, revelou expressão apenas em cotilédones (0,5 mil vezes que o L7 Bege). É possível que a expressão desse gene também se encontre nos embriões dessa cultivar, contudo, devido ao alto valor encontrado na LGoPE-06, não foi possível atestar tal suposição. Esses achados são relevantes contribuindo na identificação de genótipos dormentes e posterior uso em trabalhos de melhoramento.

### APOIO

CAPES, UEPB e Embrapa Algodão