



## ANÁLISE DA EXPRESSÃO TEMPORAL DE GENES RELACIONADOS AO DESENVOLVIMENTO DAS FIBRAS EM ALGODOEIRO

Morganna Pollynnne Nóbrega Pinheiro<sup>1</sup>; Vandré Guevara Lyra Batista<sup>2</sup>; Milena Silva Porto<sup>2</sup>; Natália Florencio Martins<sup>3</sup>; Pérciles de Albuquerque Melo Filho<sup>4</sup>; Roseane Cavalcanti dos Santos<sup>5</sup>; Liziane Maria de Lima<sup>5</sup>

<sup>1</sup> Estagiária da Embrapa Algodão, doutoranda em Biotecnologia – Renorbio - morgannapollynnne@yahoo.com; <sup>2</sup> Estagiário da Embrapa Algodão, mestrando em Ciências Agrárias – UEPB; <sup>3</sup> Pesquisadora da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; <sup>4</sup> Professor associado, UFRPE, doutor em fitopatologia; <sup>5</sup> Pesquisadora da Embrapa Algodão, doutora em Biologia Molecular – [liziane@cnpa.embrapa.br](mailto:liziane@cnpa.embrapa.br)

**RESUMO** - O algodão é uma das lavouras mais importantes do Brasil, sendo atualmente a principal planta têxtil e a segunda oleaginosa, em termos de produção. O aumento da produtividade, da qualidade de fibras e de outros derivados ao longo dos anos aconteceu devido ao alto investimento em pesquisas de melhoramento genético. A biotecnologia também vem colaborando com o aumento das pesquisas desta cultura visando o melhoramento das propriedades físicas (comprimento e qualidade) e químicas (teor de celulose) das fibras. As fibras do algodão são células únicas de tricoma que se desenvolvem a partir da diferenciação da epiderme celular do tegumento do óvulo, dando origem ao fruto. Durante a diferenciação celular, verificam-se diferentes estágios: fase de iniciação (-3 a 3 dias após antese), alongação (5 – 25 dpa), formação da parede celular secundária (20 – 45 dpa) e maturação (45 – 50 dpa). Objetivou-se com este trabalho investigar a expressão de genes regulatórios e estruturais em botão floral de algodoeiro por meio de RT-PCR semiquantitativa. A partir de uma biblioteca cDNA e posteriores análises *in silico* no banco de dados do algodão (CottonDB) foram selecionados três genes relacionados a fibra (*Cotton-bud1*, *Cotton-bud2* e *Cotton-bud3*). Por meio dos resultados obtidos pela RT-PCR semiquantitativa verificou-se expressão gênica em todos os genes, com produtos migrando na altura esperada, em função de cada *primer* utilizado. Quanto às análises *in silico*, foi verificado que o gene *Cotton-bud1* corresponde ao período de iniciação do desenvolvimento da fibra e uma das fases de alongamento (0-10 dpa). Os genes *Cotton-bud2* e *Cotton-bud3* estão envolvidos no início do desenvolvimento das fibras de algodão, do qual participam uma série de proteínas como: profilina, glicosiltransferase, arabinogalactana (AGP) e a proteína transferidora de lipídeo (LTP). Estas atuam na biossíntese da parede celular, além de pertencerem à classe dos fatores de transcrição MYB que é um importante regulador no desenvolvimento dos tricomas em algodão, sendo predominantemente expresso no início do desenvolvimento das fibras. O estudo preliminar desses genes via RT-PCR semiquantitativa forneceu dados sobre genes promissores que estão envolvidos no desenvolvimento das fibras que podem ser utilizados nos programas de melhoramento genético do algodão.

**Palavras Chave:** *Gossypium hirsutum*, cDNA, fisiologia da reprodução, função gênica

**Apoio:** Embrapa Algodão / MONSANTO / CAPES