



## EXPRESSÃO RELATIVA DO GENE *GLUC* ENVOLVIDO NO DESENVOLVIMENTO DA FIBRA DO ALGODOEIRO

Morganna Pollynnne Nóbrega Pinheiro<sup>1</sup>, Vivian de Jesus Miranda, Vandrê Guevara Lyra Batista, Osmundo Brilhante Oliveira Neto, Maria de Fátima Grossi de Sa, Péricles de Albuquerque Melo Filho, Roseane Cavalcanti dos Santos, Liziane Maria de Lima

1. Mestre em Melhoramento Genético de Plantas pela Universidade Federal Rural de Pernambuco - morgannapollynnne@yahoo.com.br

**RESUMO** - O algodão é uma das principais commodities cultivadas no Brasil e no mundo. Dado a sua importância para o agronegócio, a cultura do algodão é sempre objeto de estudo dos programas de melhoramento genético, onde maior parte dos esforços está voltada para a qualidade das fibras. Diversos genes estão envolvidos no processo de síntese das fibras, dentre eles, o gene *GLUC* que codifica para várias  $\beta$ -glucanases. As  $\beta$ -1,3-glucanase e  $\beta$ -1,4-glucanase atuam na síntese de celulose e, por sua vez, no desenvolvimento da fibra, e as exo- $\beta$ -glucanases participam dos processos de germinação do pólen e crescimento do tubo polínico. Diante do exposto, objetivou-se neste trabalho investigar a expressão temporal do gene *GLUC* em botão floral de algodoeiro. Botões florais foram coletados em diferentes estágios de desenvolvimento (2-4 mm; 6-8 mm; 10; 12 mm; 14-16 mm e 18-20 mm) e usados para isolamento do RNA total e, posteriormente, síntese do cDNA. Os experimentos de qRT-PCR foram conduzidos no termociclador da Applied Biosystems 7500. Os dados brutos de fluorescência foram importados para o programa *Real-time PCR Miner* para determinar o ciclo *threshold* (*Ct*) e a eficiência da PCR. A análise de expressão gênica foi realizada utilizando o programa qBASEPlus. Os valores de *Ct* das duas duplicatas biológicas juntas e o valor de eficiência de cada gene gerados pelo *Miner* foram importados para o qBASEPlus para determinar a expressão relativa dos genes em estudo. Para normalização da reação foram utilizados os genes constitutivos *Actina* e *Ubiquitina*. Os resultados de expressão relativa revelaram que o gene *GLUC* foi expresso em todos os estágios de desenvolvimento do botão floral. No entanto, houve diferenças no nível de expressão; a maior foi observada nos botões com 2-4 mm e 14-16 mm, sendo estes 45% mais expresso que os primeiros. Esses resultados são justificados em função da atuação das  $\beta$ -glucanases em vários processos metabólicos da planta relacionados ao órgão reprodutivo. Esse perfil de expressão torna o gene *GLUC* um forte candidato para a busca de promotores a serem utilizados em transgenia, visando características desejáveis nas fibras.

**Palavras-chave:** *Gossypium hirsutum*, botão floral, glucanase.

**Apoio:** Capes.