



EXPRESSÃO RELATIVA DO GENE OVU EM VÁRIOS ESTÁDIOS DE DESENVOLVIMENTO DE BOTÃO FLORAL DE ALGODOEIRO

Morganna Pollynnne Nóbrega Pinheiro¹, Vivian de Jesus Miranda, Vandrê Guevara Lyra Batista, Milena Silva Porto, Osmundo Brilhante Oliveira Neto, Maria Fátima Grossi de Sa, Péricles 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 uso de ferramentas biotecnológicas contribuiu para um importante avanço do melhoramento genético do algodoeiro. Vários genes associados a estruturas reprodutivas têm sido reportados, possibilitando consideráveis contribuições no entendimento da fisiologia da reprodução em plantas. Com a finalidade de conhecer genes expressos nos botões florais de algodoeiro, amostras de tecidos em diferentes estádios de desenvolvimento (2-20 mm) foram coletadas e utilizadas para a extração de RNA total e síntese de cDNA. Para a validação quantitativa da expressão do gene *OVU*, foram conduzidos ensaios de PCR quantitativa em tempo real (qRT-PCR), utilizando como controle endógeno os genes *actina* e *ubiquitina*. Utilizou-se o programa *Real-time PCR Miner* para determinar o ciclo *threshold* (*Ct*) e a eficiência de PCR, e a análise de expressão gênica foi realizada utilizando o programa qBASEPlus. Os resultados das análises de expressão gênica mostraram que o gene *OVU* apresentou um elevado nível de expressão em todas as fases do desenvolvimento do botão floral, sendo de 1,0 a 1,5 vezes maior na fase de 10-12 mm do que nas demais fases de desenvolvimento. Botões florais na fase de 10-12 mm apresentam atividade celular elevada em função das várias divisões mitóticas no pólen e formação dos sacos embrionários, sugerindo assim que este gene esteja envolvido no desenvolvimento de óvulos. A identificação de genes relacionados ao botão floral de algodoeiro é de grande importância para um melhor entendimento molecular da planta, sobretudo, esses relacionados a estruturas reprodutivas que podem elucidar os processos envolvidos com a reprodução.

Palavras-chave: *Gossypium hirsutum*, qRT-PCR, estruturas reprodutivas.

Apoio: Capes.