



EXPRESSÃO TEMPO-ESPACIAL DE GENES PRESENTES EM BOTÕES FLORAIS DE ALGODOEIRO

Vandre Guevara Lyra Batista¹, Morganna Pollynne Nóbrega Pinheiro, Milena Silva Porto, Geisenilma Maria Gonçalves da Rocha, Péricles Albuquerque Melo Filho, Roseane Cavalcanti dos Santos, Liziane Maria de Lima, Geisenilma Maria Gonçalves da Rocha

1. Biólogo pela UEPB, Mestre em Ciências Agrárias pela UEPB, doutorando em Biotecnologia pela UFRPE -
vanguera@gmail.com

RESUMO - Ao longo das duas últimas décadas, o estudo do desenvolvimento de botões florais vem demandando grande esforço por parte de pesquisadores em todo o mundo, análises genéticas especialmente em *Arabidopsis thaliana* levaram à identificação de vários genes reguladores deste importante processo biológico. Informações sobre níveis de expressão de genes de interesse é fundamental para compreensão de sua localização e funcionalidade. Neste trabalho, investigou-se de maneira comparativa a expressão temporal e espacial de três genes que se expressam em botão floral de algodoeiro por meio de RT-PCR semiquantitativa e qRT-PCR. Foram selecionados, *in silico*, três genes com histórico de expressão em botão floral de *Arabidopsis thaliana*, denominados *GhARF6*, *GhATFY* e *GhSEUSS*, e utilizados para os ensaios de expressão em plantas de algodão. Amostras de tecidos de botões florais (2-8 mm - B1; 10-12 mm - B2 e 14-20 mm - B3), como também de folhas, hastes e raízes de plantas da cultivar CNPA 8H foram coletadas e utilizadas para a extração de RNA total e síntese de cDNA. O ensaio de RT-PCR foi realizado utilizando cDNA dos quatro tecidos (botão floral, haste, folha e raiz), e como controle endógeno utilizou-se o gene da *actina*. Para os ensaios de qRT-PCR, visando um estudo mais detalhado da estrutura reprodutiva do algodoeiro, foram utilizados apenas os cDNAs dos botões florais, e como controles endógenos, os genes da *actina* e *ubiquitina*. Os gráficos da curva de Melt e C_qs foram gerados automaticamente pelo termociclador *Eco™ Real-Time PCR System* (Illumina), baseando-se no método de normalização $\Delta\Delta C_q$. Os resultados obtidos nos ensaios de RT-PCR revelaram que os três genes investigados apresentaram expressão tanto nos botões florais, alvo do nosso estudo, como também nas folhas, hastes e raízes, mostrando então a necessidade de se explorar a expressão desses genes em toda a planta, auxiliando assim o entendimento das inter-relações dos transcritos nos diversos órgãos, bem como suas funções afins. Os ensaios via qRT-PCR confirmaram a expressão dos três genes estudados no botão floral, em todas as fases de desenvolvimento investigadas. Para o gene *GhARF6* o maior nível de expressão ocorreu na fase B2, sendo 20% maior que na fase B1 e 73% maior que na fase B3. Já para o gene *GhATFY*, nas fases B1 e B2 o nível de expressão foi praticamente idêntico, decaindo na fase B3. Por fim, para o gene *GhSEUSS* o maior nível de expressão ocorreu também na fase B2, sendo 38% mais alto que na fase B1 e 69% mais alto que na fase B3. O padrão de expressão observado neste estudo revelou uma maior taxa em botões de 2 mm a 12 mm. Este resultado é justificado em razão do envolvimento desses genes no processo de floração na fase inicial e mediana dos botões florais. Os resultados obtidos neste trabalho fornecem informações sobre genes promissores para trabalhos de pesquisa envolvendo o programa de melhoramento de algodoeiro.

Palavras-chave: *Gossypium hirsutum*, RT-PCR, qRT-PCR.

Apoio: Embrapa Algodão, Capes.