



## ESTUDO DA EXPRESSÃO DE GENES RELACIONADOS AO BOTÃO FLORAL DO ALGODOEIRO POR MEIO DE RT-PCR SEMIQUANTITATIVA

Vandré Guevara Lyra Batista<sup>1</sup>; Morganna Polynne Nóbrega Pinheiro<sup>2</sup>; Fábila Suelly Lima Pinto<sup>3</sup>  
Roseane Cavalcanti dos Santos<sup>4</sup>; Liziane Maria de Lima<sup>5</sup>

1. Mestrando em Ciências Agrárias – UEPB – [vanguavevara@gmail.com](mailto:vanguavevara@gmail.com); 2. Doutoranda em Biotecnologia – Renorbio - [morgannapolynne@yahoo.com.br](mailto:morgannapolynne@yahoo.com.br); 3. Técnica em Laboratório da Embrapa Algodão, graduada em Ciências Biológicas – [fabia@cnpa.embrapa.br](mailto:fabia@cnpa.embrapa.br); 4. Pesquisadora da Embrapa Algodão, doutora em Biologia Molecular - [caval@cnpa.embrapa.br](mailto:caval@cnpa.embrapa.br); 5. Pesquisadora da Embrapa Algodão, doutora em Biologia Molecular - [liziane@cnpa.embrapa.br](mailto:liziane@cnpa.embrapa.br).

**RESUMO** - A utilização de banco de dados públicos, gerados a partir de projetos genoma, como o NCBI, Cotton db, SUCEST, FORESTs, entre outros, é de grande relevância para estudos moleculares, especialmente aos relacionados a expressão gênica, uma vez que, de posse das sequências depositadas, é possível prospectar ou isolar novos genes e conhecer sua função em várias fases ontogenéticas. Em plantas, uma das fases de grande demanda de conhecimento é a relacionada com a fase reprodutiva. Atualmente, vários estudos envolvendo identificação e caracterização de genes associados a reprodução, especialmente a fenologia do botão floral em *Arabidopsis thaliana* tem possibilitando grande contribuição no conhecimento de funções correlatas em outras espécies, como regulação do desenvolvimento floral, transporte de proteínas, desenvolvimento do óvulo, gineceu e embrião, entre outras já descritas. Para espécies vegetais detentoras de grandes commodities, como soja, milho, algodão, entre outras, tais resultados são de fundamental importância visto que a maioria das pesquisas moleculares desenvolvidas com essas culturas visam estudos que potencializem a expressão de características quantitativas e muitas delas dependem da fisiologia de reprodução. Neste trabalho, investigou-se a expressão temporal e tissular de genes que se expressam em botão floral de algodoeiro por meio de RT-PCR semiquantitativa, baseando-se em informações contidas em banco de dados do GenBank. Foram selecionados, *in silico*, quatro genes que se expressam predominantemente em botão floral (*cotton bud 7*, *cotton bud 8*, *cotton bud 9* e *cotton bud 10*) e em seguida desenhado seus *primers* com o auxílio do software *Primer3*. Sementes da cultivar BRS 293 foram cultivadas em vasos (20 L), em casa de vegetação. O RNA de botões florais (2-8 mm; 10-12 mm e 14-20 mm), folhas, hastes e raízes foi extraído utilizando-se o kit Invisorb Kit (Invitex) e alíquotados para posterior ensaio de RT-PCR. Para síntese do cDNA utilizou-se o kit The ImProm-II™ Reverse Transcription System (Promega). As condições de RT-PCR seguiram de acordo com o fabricante, sendo as condições de anelamento variáveis em função dos diferentes *primers* utilizados. Para controle da expressão constitutiva, utilizou-se *primers* do gene da actina. Os produtos da RT-PCR foram visualizados em gel de agarose e fotodocumentados. Verificou-se que os genes selecionados apresentaram expressão não apenas em botões florais mas também nos outros tecidos (folha, haste e raiz). A expressão em botão floral, foco deste estudo, foi bastante acentuada, com bandas reveladas na altura esperada de acordo com os *primers* desenhados (200 pb). O estudo preliminar desses genes via RT-PCR semiquantitativa servirá de base para futuros estudos quantitativos utilizando a técnica de PCR em tempo real (qPCR).

**Palavras Chave:** *Gossypium hirsutum* L., biotecnologia, expressão gênica.

**Apoio:** Embrapa Algodão, CAPES – Bolsa de mestrado.