



PROSPECÇÃO DE GENES REGULATÓRIOS E ESTRUTURAIS EXPRESSOS EM BOTÃO FLORAL DO ALGODOEIRO (*Gossypium hirsutum*)

Morganna Pollyne Nóbrega Pinheiro¹; Vandrê Guevara Lyra Batista²; Natália Florencio Martins³; Péricles de Albuquerque Melo Filho⁴; Roseane Cavalcanti dos Santos⁵; Liziane Maria de Lima⁵

¹ Estagiária da Embrapa Algodão, doutoranda em Biotecnologia – Renorbio - morgannapollyne@yahoo.com; ² Estagiário da Embrapa Algodão, mestrando em Ciências Agrárias – UEPB; ³ Pesquisadora da Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia; ⁴ Professor Associado, UFRPE, doutor em fitopatologia; ⁵ Pesquisadora da Embrapa Algodão, doutora em Biologia Molecular – liziane@cnpa.embrapa.br

RESUMO - A cotonicultura é uma das atividades mais importantes no setor econômico brasileiro. Em 2012, deverão ser colhidas 5,1 milhões de toneladas de algodão herbáceo. Este número coloca o País como quinto maior produtor do mundo, quarto país exportador e o primeiro em produtividade em sequeiro. Devido a esta grande importância, a cultura do algodão é sempre alvo nos programas de melhoramento genético, onde visam à contínua melhoria da produtividade de pluma e da qualidade de fibra. Em tempos atuais, com o acúmulo de informações genéticas sobre a natureza dos caracteres e metodologias de seleção e, mais recentemente, com a aplicação de métodos biotecnológicos, os ganhos genéticos tem sido contínuos, tanto para caracteres de interesse geral, quanto para os mais específicos. A utilização das informações dos bancos de DNA e proteínas é de grande utilidade para o esclarecimento da função e expressão de novos genes. Em algodão, estudos envolvendo a identificação e caracterização de muitos genes associados ao botão floral vem possibilitando consideráveis descobertas sobre suas funções. Este trabalho visa, inicialmente, isolar e identificar genes preferencialmente expressos em botão floral de algodoeiro, a fim de se estudar os mecanismos regulatório e estrutural do desenvolvimento floral. Uma biblioteca subtrativa de cDNA foi construída, onde foram geradas 768 sequências, tendo sido formado 168 agrupamentos com 126 singlets e 42 contigs. As análises *in silico* foram realizadas em dois diferentes bancos de dados públicos CottonDB (*Cotton Genome Database*) e TAIR (*The Arabidopsis Information Resource*). A partir da classificação KOG (*Eukaryotic Orthologous Groups*) foi possível agrupar as ESTs em 18 categorias funcionais, destas, cinco categorias foram mais representativas: i) Conversão e produção de energia; ii) Tradução, estrutura ribossomal e biogênese; iii) Modificação pós-traducional, proteínas chaperonas; iv) Predição de função geral; v) Proteínas com função desconhecida. Os genes selecionados (*Cotton-bud4*, *Cotton-bud5* e *Cotton-bud6*), foram submetidos a estudos para validação da expressão. Os resultados semiquantitativos (RT-PCR) mostraram que tais genes são expressos em todos os tecidos estudados (botão, haste, folha e raiz), no entanto pôde-se observar um maior nível de expressão nos botões florais, e sugerem que estejam envolvidos nas fases de iniciação, desenvolvimento e alongamento de fibras, óvulos, grãos de pólen e tubo polínico. Este estudo fornece dados sobre vários genes que podem ser utilizados no melhoramento genético do algodoeiro visando processos relacionados ao desenvolvimento do botão floral.

Palavras Chave: Algodão, transcriptoma, RT-PCR, expressão

Apoio: Embrapa Algodão / MONSANTO / CAPES