

# ANÁLISE DO DOMÍNIO DE LIGAÇÃO AO DNA DO GENE *PAX1* EM VERTEBRADOS

Rocha, Eneida; Paixão-Côrtes, V; Santos, F; Salzano, FM; Bortolini, MC.

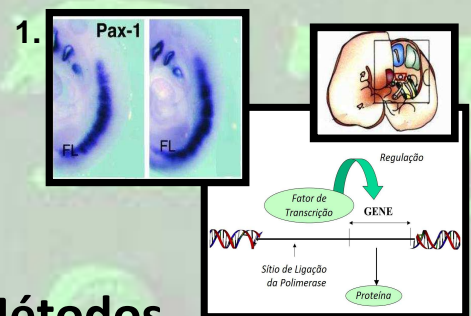
Departamento de Genética, Instituto de Biociências,  
Universidade federal do Rio Grande do Sul.

## Introdução

O *PAX1* é um gene de desenvolvimento composto por 5 éxons, sendo que o éxon 2 codifica o chamado domínio *paired* que confere à proteína, um fator de transcrição, a capacidade de se ligar ao DNA. Este gene tem um papel fundamental durante o desenvolvimento embrionário, pois atua na formação dos arcos branquiais, timo, glândulas paratireóides e ossos, especificamente na determinação da segmentação da coluna vertebral.

## Objetivo

Analisar o éxon 2 do gene *PAX 1* em 21 espécies de mamíferos, averiguando as diferenças encontradas e correlacionando-as ao padrão evolutivo a qual o domínio *paired* do éxon 2 está submetido.



## Materiais e Métodos

Foram analisadas seqüências do éxon 2, com aproximadamente 630bp, de 21 espécies de mamíferos compiladas do Ensembl (<http://www.ensembl.org/index.html>).

Para testar se a variação encontrada entre as espécies poderia ser explicada pelo equilíbrio entre mutação e deriva (neutralidade) foi realizado o teste Maximum Likelihood - Análise de Seleção Natural Códon por Códons, utilizando-se o software Mega 5.05 (<http://www.megasoftware.net>)

## Resultados

Foi verificado que a seqüência de aminoácidos possui em média 90% de identidade para todos os mamíferos estudados. Com relação às diferenças entre as porcentagem de mutações não-sinônimas e sinônimas no éxon 2, somente 6% de todas as mutações detectadas resultam em troca do aminoácido.

A análise feita através do software Mega 5.05 mostrou que 81% dos códons analisados estão sob uma forte seleção purificadora, enquanto que 17% parecem estar sofrendo um relaxamento da pressão seletiva. Embora o programa indique que 2% dos códons poderiam estar sob a ação da seleção positiva, estes sítios não apresentam valores significativos.

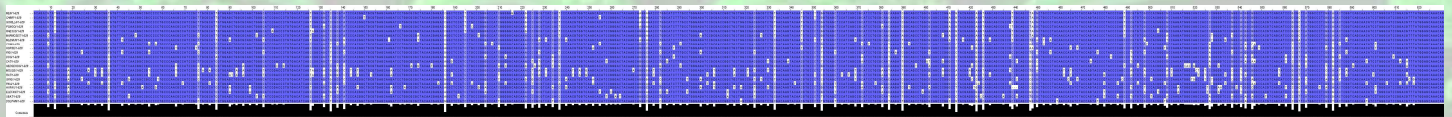


Figura 1. Alinhamento das seqüências nucleotídicas correspondentes ao éxon 2 do gene *PAX1*.

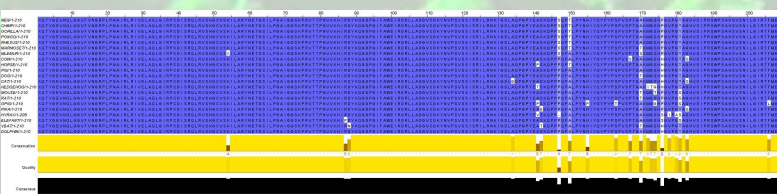


Figura 2. Alinhamento das seqüências de aminoácidos correspondentes ao éxon 2 do gene *PAX1*.

## Discussão e Conclusão

Uma onipresente seleção purificadora domina completamente o panorama evolutivo do domínio *paired* do éxon 2, pois há somente duas alterações não-sinônimas presentes: uma no elefante e outra no morcego, dentre os 384 nucleotídeos que o compõe.

Ou seja, são os mesmos 126 aminoácidos para todos os 21 mamíferos analisados, entre eles o homem, o elefante e o golfinho. Pode-se dizer, então, que uma esmagadora constrição funcional mantém a seqüência de aminoácidos inalterada por todas as linhagens dos mamíferos estudados até aqui.

## Referência Bibliográfica

1. Ikeya M, Takada S, Development 1998 Dec;125(24):4969-76

Apoio Financeiro: FAPERGS, CNPq e Capes  
eneida.mail@gmail.com