

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. Foram analisadas seqüências do éxon 2 (~630bp) de 21 espécies de mamíferos compiladas do Ensembl (<http://www.ensembl.org/index.html>). Um fato marcante que surge das análises é a grande diferença entre a porcentagem de mutações não-sinônimas e sinônimas no éxon 2, pois somente 6% de todas as mutações detectadas, resultam em troca do aminoácido. A seqüência de aminoácido possui em média 90% de identidade para todos os mamíferos estudados. Para testar se a variação encontrada 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/>). Esta análise determinou 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, nenhum dos sítios apresentam valores significativos. Isso significa que uma esmagadora constrição funcional mantém a seqüência de aminoácidos inalterada por todas as linhagens dos mamíferos estudados até aqui. Uma onipresente seleção purificadora domina completamente o panorama evolutivo do domínio *paired* do éxon 2, pois somente há duas alterações não-sinônimas, uma no elefante e outra no morcego, nos 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.