



Análise comparativa de genoma, incluindo uma abordagem sobre história evolutiva e a diversidade da família gênica Ácido Fosfatídico Fosfatase (PAP)

Maria Eduarda Gonçalves Lacerda¹, Andreia Carina Turchetto-Zolet²

¹ Ciências Biológicas, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS)

² Departamento de Genética, Núcleo de Genômica e Evolução de Populações Naturais, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS).



INTRODUÇÃO

Ácido fosfatídico fosfatase (PAP - EC3.1.3.4) catalisa a desfosforilação do Ácido fosfatídico (PA), produzindo diacilglicerol (DAG) e fosfato inorgânico. Esta desfosforilação, permite a produção subsequente de fosfatidilcolina e triacilgliceróis (TAG), principais componentes da membrana eucariótica e do armazenamento de lipídios, respectivamente (**Figura 1**). O TAG é um lipídio extremamente essencial para todos os organismos vivos e a sua biossíntese é um processo evolutivo preservado na maioria dos organismos vivos.

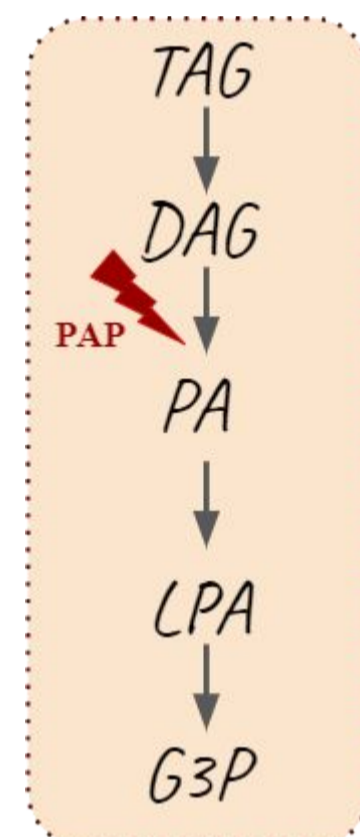


Figura 1. Representação da biossíntese de triacilgliceróis (TAG) via rota de Kennedy em plantas. Em destaque a ação da enzima ácido fosfatídico fosfatase (PAP).

OBJETIVO: Realizar uma análise comparativa de genomas de plantas e algas a fim de entender a história evolutiva e a diversidade atual da família gênica PAP.

METODOLOGIA

Bibliografias

Revisão bibliográfica e seleção das sequências que codificam a enzima PAP em *A.thaliana*. (PAP1, PAP2, PAP3, PAP4, PAPβ[5], PAPγ[6], PAPε1[7], PAPε2[8], PAPδ[9]).

Phytozome

Realização de BLAST contra os genomas disponíveis no Phytozome.

Bancos de dados

Criação, organização e descrição das características específicas das sequências de DNA, e CDS (sequências codificadoras) recuperadas pelo BLAST.

PamX

Análise de seleção positiva.

BEAST 1.8.4

Análises filogenéticas pelo método Bayesiano.

MUSCLE-MEGA 7.0

Alinhamento das sequências de nucleotídeos e aminoácidos.

RESULTADOS/DISCUSSÃO

Utilizando os nove genes codificadores da enzima PAP em *A.thaliana* recuperou-se 468 sequências de potenciais homólogos das 50 espécies de algas, briófitas e angiospermas utilizadas. O número de genes por espécie variou de 2 (*Coccomyxa subellipsoidea* e *Ostreococcus lucimarinus*) - 28 (*Panicum virgatum*).

Quanto à organização gênica o número de íntrons variou de 0-15 entre as sequências analisadas. Houve variação de 96-970 aminoácidos no tamanho das sequências proteicas preditas.

Os domínios proteicos PAP2 superfamily e acidPPc característicos dessas proteínas foram detectados em todas as espécies estudadas e variaram de 1-9.

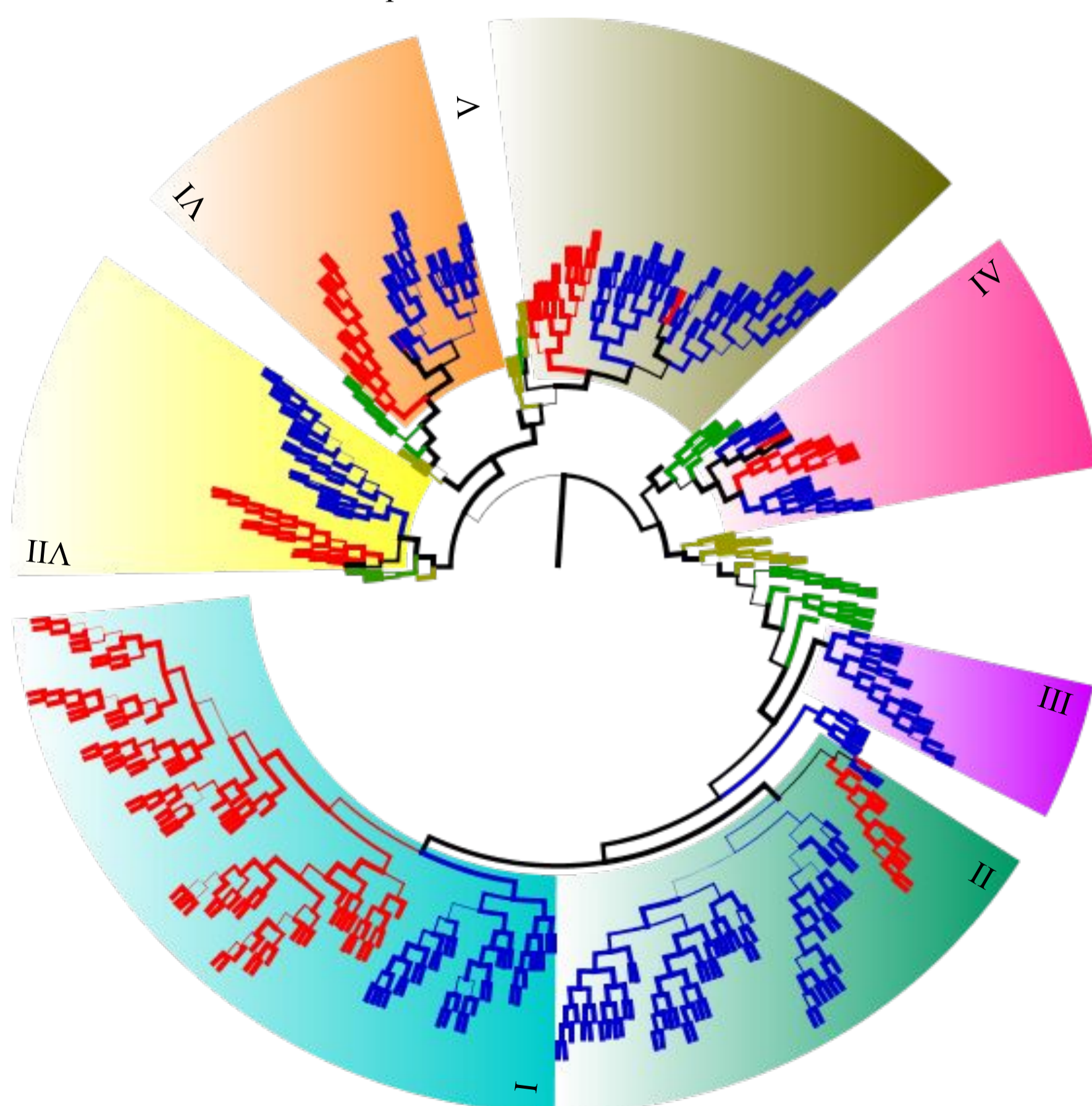


Figura 2. Análise filogenética da família gênica PAP em plantas. Os ramos na cor azul são sequências de eudicotiledóneas, em vermelho sequências de monocotiledóneas, algas e briófitas em bege e verde respectivamente. Destacam-se sete clados principais, pintados de cores distintas e enumerados de I-VII.

Tabela 1 - DESCRIÇÃO DE FORMAÇÃO DOS PRINCIPAIS CLADOS DA FILOGÊNA

Clado	PAP / Localização celular	Táxon das sequências agrupadas ao clado
I	PAP2 / membrana plasmática	Eudicotiledóneas, monocotiledóneas
II	PAP1 / membrana plasmática PAP3 / membrana plasmática + cloroplasto	Eudicotiledóneas, monocotiledóneas
III	PAP4 / membrana	Eudicotiledóneas, monocotiledóneas
IV	PAPβ[5] / membrana	Eudicotiledóneas, monocotiledóneas
V	PAPε1[7], PAPε2[8] / cloroplasto + retículo endoplasmático	Eudicotiledóneas, monocotiledóneas
VI	PAPγ[6] / cloroplasto + retículo endoplasmático	Eudicotiledóneas, monocotiledóneas
VII	PAPδ[9] / retículo endoplasmático	Eudicotiledóneas, monocotiledóneas

Tabela 2 - Resultados do CodeML

Família gênica	Comparação	Parâmetros/Significância
PAPs 1-4	M3 vs M0	2ΔL = 1302,54 (df=4) / p<0,005
	M2 vs M1	2ΔL = 4,67 (df=2) / p<0,100
	M8 vs M7	2ΔL = 20,95 (df=2) / p<0,005
Poaceae - 9 spp. - 290 códons	M3 vs M0	2ΔL = 374,88 (df=4) / p<0,005
	M2 vs M1	2ΔL = 0 (df=2) / p<0,995
	M8 vs M7	2ΔL = 8,93 (df=2) / p<0,025
Fabaceae - 3 spp. - 306 códons	M3 vs M0	2ΔL = 354,7 (df=4) / p<0,005
	M2 vs M1	2ΔL = 0 (df=2) / p<0,995
	M8 vs M7	2ΔL = 1,16 (df=2) / p<0,500
Brassicaceae - 9 spp. - 289 códons	M3 vs M0	2ΔL = 145,13 (df=4) / p<0,005
	M2 vs M1	2ΔL = 0 (df=2) / p<0,995
	M8 vs M7	2ΔL = 6 (df=2) / p<0,100
PAPs 5-9	M3 vs M0	2ΔL = 37,26 (df=4) / p<0,005
	M2 vs M1	2ΔL = 0 (df=2) / p<0,995
	M8 vs M7	2ΔL = 2,17 (df=2) / p<0,500
Poaceae - 9 spp. - 196 códons	M3 vs M0	2ΔL = 39,7 (df=4) / p<0,005
	M2 vs M1	2ΔL = 3,42 (df=2) / p<0,500
	M8 vs M7	2ΔL = 9,44 (df=2) / p<0,010
Fabaceae - 3 spp. - 224 códons	M3 vs M0	2ΔL = 37,26 (df=4) / p<0,005
	M2 vs M1	2ΔL = 0 (df=2) / p<0,995
	M8 vs M7	2ΔL = 2,17 (df=2) / p<0,500
Brassicaceae - 9 spp. - 200 códons	M3 vs M0	2ΔL = 39,7 (df=4) / p<0,005
	M2 vs M1	2ΔL = 3,42 (df=2) / p<0,500
	M8 vs M7	2ΔL = 9,44 (df=2) / p<0,010

As análises filogenéticas revelaram que os potenciais homólogos dos genes PAP se distribuíram em sete clados principais (**Figura 2 e Tabela 1**).

As duplicações que deram origem aos parálogos dos genes ocorreram em diferentes momentos da história evolutiva das plantas. A manutenção desses parálogos nos genomas da maioria das espécies pode estar relacionada com processos de diversificação e adaptação a diferentes ambientes.

A análise de seleção revelou sinal de seleção positiva na família botânica Poaceae por comparação de M7 vs. M8 (posições 1, 264, 270, 271 e 272; p > 0.005) considerando homólogos de PAP1-4. Já na análise dos homólogos de PAP5-9 revelou seleção positiva na família Brassicaceae por comparação de M7 vs. M8 (posições 7, 17, 28, 32, 76, 152, 154, 155 e 166; p > 0.001). Estes resultados podem sugerir que a seleção positiva pode estar associada aos padrões de evolução encontrado na família gênica PAP.

CONCLUSÕES E PERSPECTIVAS

Homólogos dos genes PAP foram identificados em todas as espécies estudadas, indicando a importância dessa família gênica em plantas. A diversificação desses genes ocorreu nas plantas terrestres através de diferentes eventos de duplicação, seguido de seleção positiva em alguns grupos. Esse estudo revelou importantes informações dessa família que poderão contribuir para a compreensão da função desses genes em plantas.