



**Universidade:  
presente!**

**UFRGS**  
PROPEAQ

**XXXI SIC**

Salão UFRGS 2019  
CONHECIMENTO FORMACÃO INOVAÇÃO

21. 25. OUTUBRO • CAMPUS DO VALE

<b>Evento</b>	Salão UFRGS 2019: SIC - XXXI SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
<b>Ano</b>	2019
<b>Local</b>	Campus do Vale - UFRGS
<b>Título</b>	Análise comparativa de genomas de plantas e algas revela a história evolutiva e diversificação da família gênica Ácido Fosfatídico Fosfatase (PAP)
<b>Autor</b>	MARIA EDUARDA GONCALVES LACERDA
<b>Orientador</b>	ANDRÉIA CARINA TURCHETTO ZOLET

## **Análise comparativa de genomas de plantas e algas revela a história evolutiva e diversificação da família gênica Ácido Fosfatídico Fosfatase (PAP)**

Maria Eduarda Gonçalves Lacerda, Andreia Carina Turchetto-Zolet  
Universidade Federal do Rio Grande do Sul

Ácido fosfatídico fosfatase (PAP - EC3.1.3.4) catalisa a desfosforilação do PA (Ácido fosfatídico), 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. A biossíntese de TAG é um processo evolutivo preservado na maioria dos organismos vivos. Embora a maioria das enzimas necessárias para a biossíntese de TAG já tenham sido descritas detalhadamente, algumas enzimas como as PAPs ainda são pouco conhecidas. Assim esse estudo explora uma análise comparativa de genomas de plantas e algas para entender a história evolutiva e a diversidade atual da família gênica PAPs. Essa abordagem possibilitará uma compreensão sobre características adaptativas e de diversificação ao ambiente relacionadas a manutenção de genes parálogos nos genomas da maioria das espécies. As sequências dos nove genes PAP já caracterizados na espécie modelo *A. thaliana* (PAP1, PAP2, PAP3, PAP4, PAP $\beta$ , PAP $\gamma$ , PAP $\epsilon$ 1, PAP $\epsilon$ 2, PAP $\delta$ ), foram utilizadas como iscas na realização de BLAST contra o genoma e o proteoma de 50 espécies de plantas e algas disponíveis no banco de dados Phytozome. As sequências de DNA, CDS (sequências codificadoras) e de aminoácidos dos genes PAP e dos seus potenciais homólogos foram recuperadas do banco de dados e utilizadas para a realização de análises filogenéticas, de estrutura gênica e identificação de domínios e motivos proteicos. Os possíveis homólogos dos genes PAP foram identificados em todas as espécies de plantas e algas usadas neste estudo. No total recuperou-se 468 sequências das 50 espécies analisadas. O número de genes encontrados para cada espécie variou de 2-28. A presença de íntrons variou de 0-15 entre as sequências. As sequências proteicas preditas apresentaram variação de tamanho de 96-970 aminoácidos. O domínio proteico PAP2 superfamily e acidPPc característicos dessas proteínas foi detectado em todas as sequências encontradas para todas as espécies estudadas, sugerindo que estas sequências façam parte de uma mesma família de proteínas. Homólogos dos genes PAP identificados foram agrupados filogeneticamente em cinco clados principais. O clado 1 agrupou homólogos das PAPs1-4, o clado 2 agrupou homólogos da PAP $\beta$ , o clado 3 agrupou homólogos das PAPs PAP $\epsilon$ 1 e PAP $\epsilon$ 2, enquanto os clados 4 e 5 agruparam homólogos das PAPs PAP $\gamma$  e PAP $\delta$ , respectivamente. A análise filogenética também possibilitou observar que 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. Estão sendo realizadas análises de seleção positiva para a família gênica PAP nas espécies estudadas a fim de verificar se processos de diversificação gênica podem ser associados a mecanismos de evolução adaptativa.