



i Introdução
 Apoptose, senescência celular, autofagia e sistemas de reparo do DNA apresentam um grau razoável de interdependência funcional e de sobreposição entre seus genes regulatórios. A reconstituição filogenética de tais redes pode definir limites e diferentes graus de essencialidade dos genes envolvidos, importantes devido às suas associações com o envelhecimento e a carcinogênese.

Objetivo
 Reconstituir a filogenia das redes de regulação genética em humanos dos processos de resposta ao estresse celular e caracterizá-los em modelos de evolução convergente e/ou divergente.

Metodologia

Lista de genes:	Lista de Grupos Ortólogos (OG)	Geneplast package v.1.8.0
<ul style="list-style-type: none"> Apoptose Autofagia Senescência Mecanismos de Reparo 		<ul style="list-style-type: none"> Análise de Raiz Teste Kolmogorov-Smirnov Análise de Plasticidade Gênica Kruskal-Wallis test e Dunn's post hoc

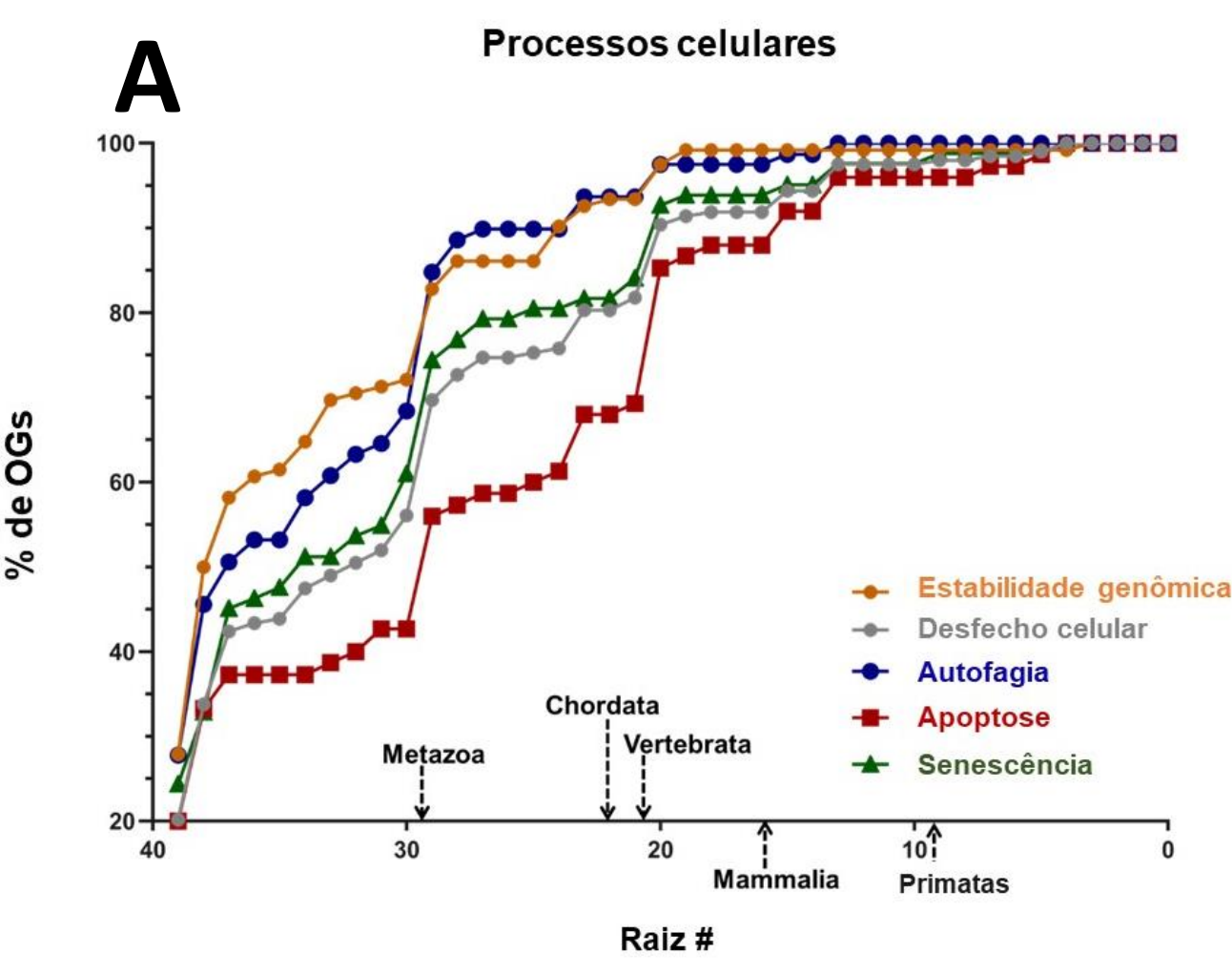
✓ Conclusão
 O desenvolvimento dos atuais processos de apoptose e senescência em humanos parecem:

- ser filogeneticamente mais recentes do que a autofagia e os sistemas de reparo do DNA;
- possuir a intersecção com ancestralidade mais recente – o que sugere um sentido convergente entre essas redes;
- possuir maior plasticidade gênica.

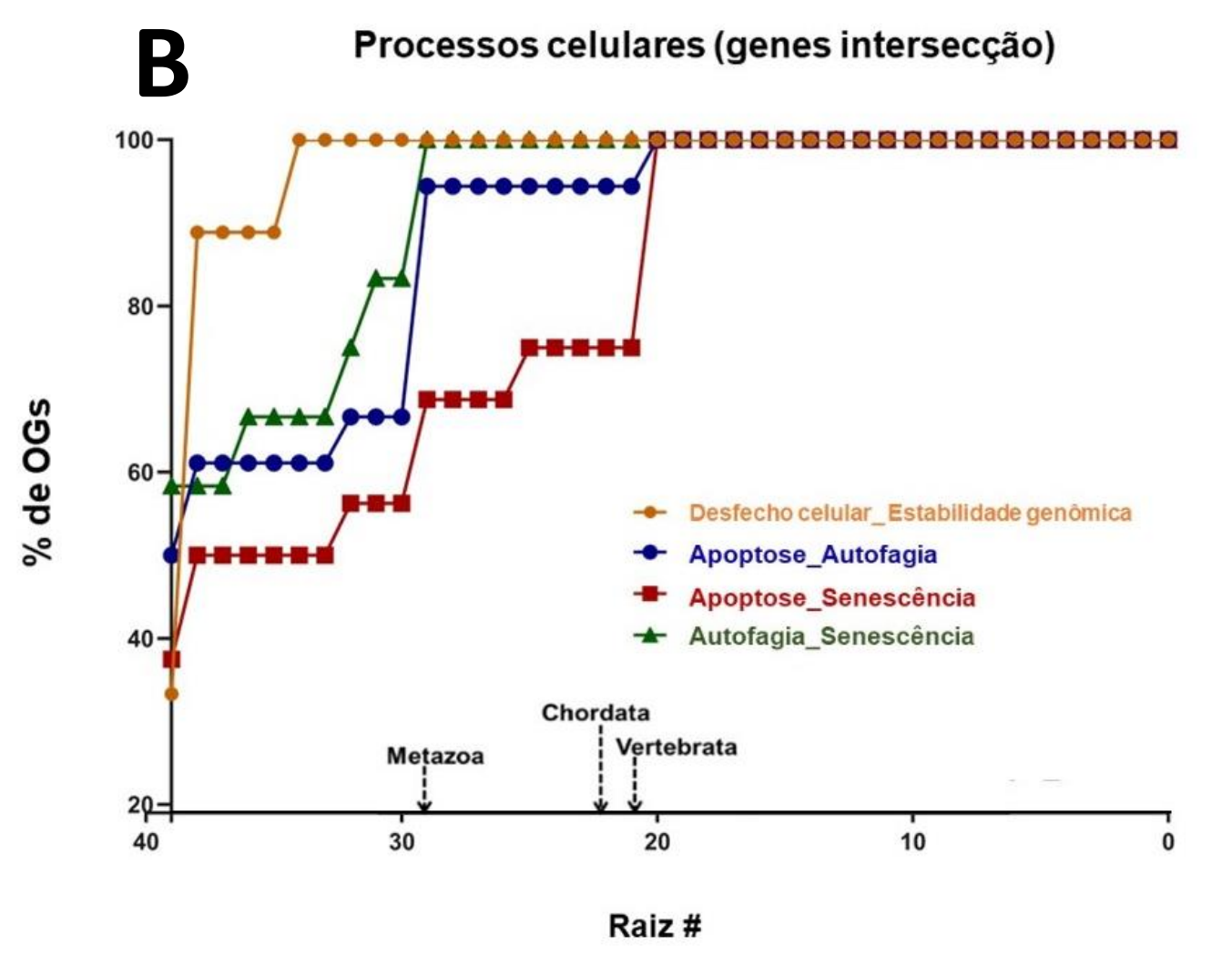
Agradecimentos
 FAPERGS/CNPq12/PROPESQ/UFRGS/2014-PRONEX 16/2551-0000 499-4; CNPq

A dinâmica evolutiva entre as redes de genes reguladores dos processos de apoptose, senescência celular, autofagia e sistemas de reparo do DNA em humanos.

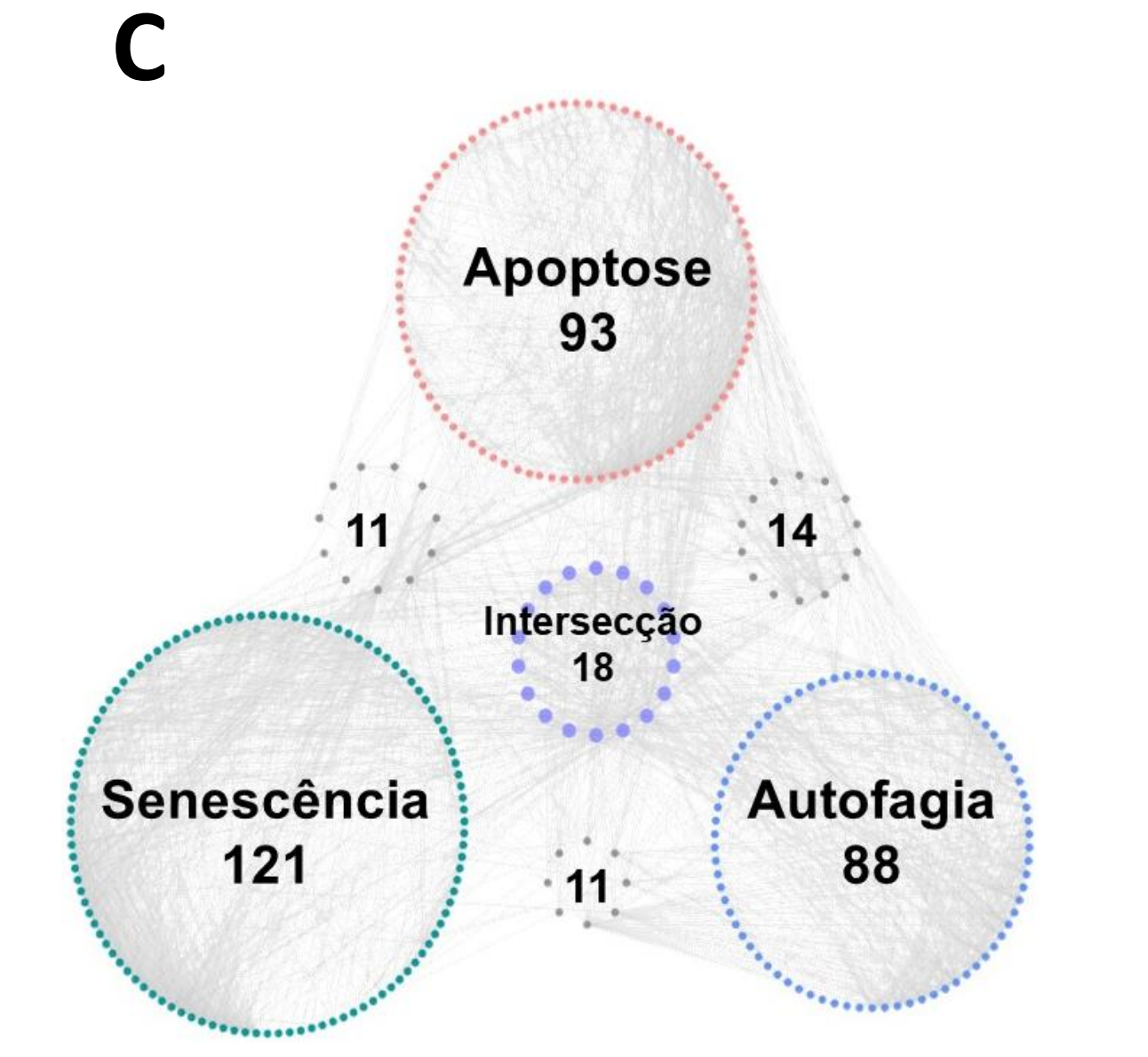
Resultados



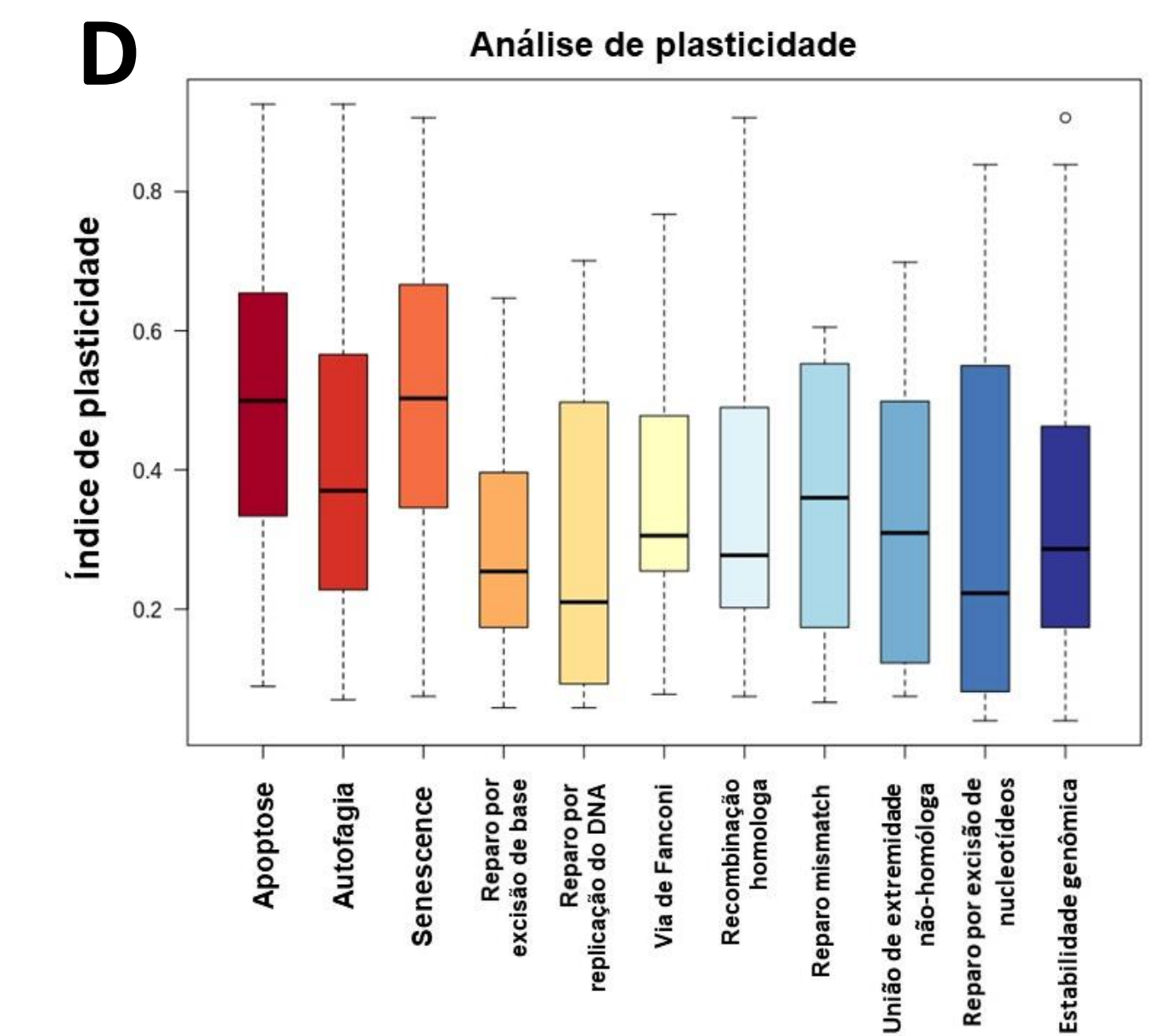
(A) Porcentagem de OGs pela respectiva raiz em que surgiram, agrupados por processo celular. Houve uma diferença significativa entre apoptose e autofagia ($p=0,0072$), assim como entre estabilidade genômica e os três processos de desfecho celular ($p = 0,0072$).



(B) Porcentagem de KOGs pela respectiva raiz em que surgiram, agrupados por intersecções entre processos celulares. Intersecção entre apoptose e senescência parece ter sido a última a se estabelecer na conformação atual em humanos.



(C) Grafo da rede de interação proteína-proteína dos processos de apoptose, senescência e autofagia em humanos. Os números correspondem ao número de genes em cada conjunto. A montagem da rede foi realizada usando o Cytoscape 3.7.1.



(D) Índice de plasticidade. Houve diferenças significativas entre autofagia e apoptose ($p=0,007$); autofagia e senescência ($p<0,001$); estabilidade genômica diferiu significativamente de todos os processos de destino celular – apoptose ($p<0,001$), autofagia ($p=0,015$) e senescência ($p<0,001$).