



XXXIII SIC SALÃO INICIAÇÃO CIENTÍFICA

Evento	Salão UFRGS 2021: SIC - XXXIII SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS
Ano	2021
Local	Virtual
Título	História evolutiva comparativa da família do ácido fosfatídico fosfatase (PAP) em plantas
Autor	MARIA EDUARDA GONCALVES LACERDA
Orientador	ANDRÉIA CARINA TURCHETTO ZOLET

HISTÓRIA EVOLUTIVA COMPARATIVA DA FAMÍLIA DA ÁCIDO FOSFATÍDICO FOSFATASE (PAP) EM PLANTAS

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

O ácido fosfatídico (PA) é um sinalizador molecular crucial em plantas e animais. O PA pode ser sintetizado de diversas maneiras, uma delas a partir de ácido lisofosfatídico na rota de biossíntese do glicerol-3-fosfato. A enzima ácido fosfatídico fosfatase (PAP) catalisa a desfosforilação do PA para produzir diacilglicerol (DAG) na biossíntese de lipídios de membrana e no metabolismo de lipídios, DAG subsequentemente é convertido em triacilglicerol (TAG). Essa biossíntese é evolutivamente conservada em todos os organismos vivos, dada a importância dessa molécula. No entanto, a diversidade de formas parálogas dos genes da biossíntese de TAG entre os diferentes organismos é fundamental para a evolução e adaptação das espécies. Os genes PAP já foram bem caracterizados na planta modelo *Arabidopsis thaliana*, entretanto, estudos para compreender a história evolutiva desta família gênica ainda não foram realizados. Assim, o objetivo deste trabalho foi identificar e caracterizar os genes que codificam a enzima PAP em espécies vegetais e compreender a história evolutiva dessa família gênica. Utilizou-se como referência as sequências proteicas de nove genes PAP já caracterizados em *A. thaliana*. Identificamos 464 sequências de potenciais homólogos de PAP em 50 espécies. A caracterização da estrutura genética revelou que: o número de genes por sp. varia de 2-28 e o de íntrons varia de 0-9, as fases dos íntrons em sp. representativas são bastante conservadas dentro dos clados. O comprimento da maioria das sequências de aminoácidos PAP variou de ~ 200 a 300 resíduos aa. 440 sequências possuem o domínio proteico PAP2 superfamily. As árvores filogenéticas construídas revelam a formação de 3 clados principais bem sustentados: clado I (PAP γ , PAP ϵ 1, and PAP ϵ 2), clado II (PAP δ) e clado III (PAP β e PAPs 1-4). A análise da expressão gênica demonstrou que alguns parálogos apresentam expressão difundida enquanto outros são expressos em tecidos ou órgãos específicos. Encontramos seleção positiva nos genes PAP em algumas famílias botânicas sugerindo diversificação funcional do parálogo.