

História evolutiva da família gênica ácido fosfatídico fosfatase (PAP) em plantas

Maria Eduarda Gonçalves Lacerda¹, Andreia Carina Turchetto-Zolet²

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

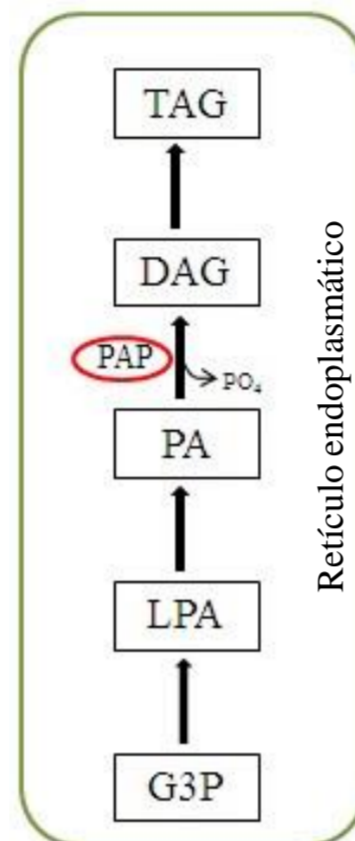
²Departamento de Genética, Núcleo de Genômica e Evolução de Populações Naturais, Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS)



INTRODUÇÃO

O ácido fosfatídico (PA) é um intermediário chave na biossíntese de lipídios, e recentemente foi identificado como um importante sinalizador molecular tanto em animais quanto em plantas. A enzima ácido fosfatídico fosfatase (PAP – EC3.1.3.4) catalisa a desfosforilação do PA a fim de produzir diacilglicerol (DAG) na biossíntese de lipídios de membrana e ainda no metabolismo de plastídios e retículo endoplasmático. Genes que codificam a enzima PAP já foram bem caracterizados na planta modelo *Arabidopsis thaliana*, contudo estudos que indiquem a ocorrência e relação filogenética dessa família gênica são escassos.

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



MATERIAL E MÉTODOS

Seleção de seqüências referência que codificam a enzima PAP em *A. thaliana* (AT2G01180.1, AT1G15080.1, AT3G02600.1 e AT3G18220.1)

Utilização de recursos genômicos de 50 espécies de plantas e algas disponíveis no banco de dados Phytozome v.12 para buscar genes PAP, utilizando a ferramenta BLAST

Caracterização das seqüências obtidas, quanto a sua organização gênica e proteica, utilizando ferramentas de bioinformática

Análises filogenéticas pelo método Bayesiano – BEAST 1.8.4

Alinhamento das seqüências de nucleotídeos e aminoácidos usando MUSCLE – MEGA 7.0

OBJETIVO

Identificar e caracterizar genes que codificam a enzima PAP e entender sua história evolutiva em plantas.

RESULTADOS / DISCURSÃO

Tabela 1. Lista das espécies de plantas incluídas na análise filogenética da família gênica PAP e número de seqüências encontradas nas buscas por BLAST em cada espécie.

Division	Species	Frequency
Sister group Angiosperm	<i>Amborella trichopoda</i>	1
Chlorophyte	<i>Chlamydomonas reinhardtii</i>	2
Chlorophyte	<i>Coccomyxa subellipsoidea</i>	2
Chlorophyte	<i>Dunaliella salina</i>	1
Marchantiophyta	<i>Marchantia polymorpha</i>	2
Chlorophyte	<i>Micromonas pusilla</i>	1
Chlorophyte	<i>Micromonas sp.</i>	2
Chlorophyte	<i>Ostreococcus lucimarinus</i>	1
Bryophyta sensu lato	<i>Physcomitrella patens</i>	6
Lycopodiophyta	<i>Selaginella moellendorffii</i>	3
Bryophyta	<i>Sphagnum fallax</i>	5
Chlorophyte	<i>Volvox carteri</i>	3
Charophyte	<i>Klebsormidium nitens</i>	3
Angiosperm	<i>Aquilegia coerulea</i>	4
Angiosperm	<i>Arabidopsis halleri</i>	3
Angiosperm	<i>Arabidopsis lyrata</i>	4
Angiosperm	<i>Arabidopsis thaliana</i>	4
Angiosperm	<i>Boechera stricta</i>	4
Angiosperm	<i>Brassica oleracea capitata</i>	4
Angiosperm	<i>Brassica rapa</i>	7
Angiosperm	<i>Capsella grandiflora</i>	4
Angiosperm	<i>Capsella rubella</i>	4
Angiosperm	<i>Citrus clementina</i>	3
Angiosperm	<i>Citrus sinensis</i>	3
Angiosperm	<i>Cucumis sativus</i>	3
Angiosperm	<i>Eucalyptus grandis</i>	8
Angiosperm	<i>Eutrema salsugineum</i>	4
Angiosperm	<i>Glycine max</i>	9
Angiosperm	<i>Gossypium raimondii</i>	4
Angiosperm	<i>Manihot esculenta</i>	5
Angiosperm	<i>Medicago truncatula</i>	5
Angiosperm	<i>Mimulus guttatus</i>	7
Angiosperm	<i>Phaseolus vulgaris</i>	5
Angiosperm	<i>Populus trichocarpa</i>	5
Angiosperm	<i>Ricinus communis</i>	4
Angiosperm	<i>Solanum lycopersicum</i>	6
Angiosperm	<i>Solanum tuberosum</i>	6
Angiosperm	<i>Theobroma cacao</i>	4
Angiosperm	<i>Ananas comosus</i>	5
Angiosperm	<i>Brachypodium distachyon</i>	6
Angiosperm	<i>Brachypodium stacei</i>	6
Angiosperm	<i>Musa acuminata</i>	6
Angiosperm	<i>Oryza sativa</i>	7
Angiosperm	<i>Panicum hallii</i>	10
Angiosperm	<i>Panicum virgatum</i>	17
Angiosperm	<i>Setaria italica</i>	8
Angiosperm	<i>Setaria viridis</i>	8
Angiosperm	<i>Sorghum bicolor</i>	8
Angiosperm	<i>Zea mays</i>	7
Angiosperm	<i>Zostera marina</i>	1

Foram encontradas no total 240 seqüências de potenciais homólogos dos genes PAP (Tabela 1).

A presença de íntrons variou de 0-15 entre as seqüências analisadas, contudo cerca de 70% delas apresentou variação de 6-8 íntrons. As seqüências proteicas preditas variaram de 76-970 aminoácidos, sendo que a maioria apresentou em média 300 aminoácidos. O domínio proteico PAP2 característico dessas proteínas foi detectado em todas as seqüências encontradas para todas as espécies estudadas, sugerindo que estas seqüências façam parte de uma mesma família gênica.

A análise filogenética revelou a existência de quatro principais grupos (nomeados grupos I-IV) em que cada um inclui possíveis homólogos dos quatro genes PAP de *Arabidopsis thaliana* usados como iscas no BLAST (Figura 2). O grupo I é formado por seqüências de eudicotiledôneas junto a PAP4, II reúne seqüências de monocotiledôneas que não se agruparam com nenhuma das iscas, III possui tanto seqüências de eudicotiledôneas quanto monocotiledôneas junto as PAP2 e PAP3 e IV agrupa seqüências de mono e eudicotiledôneas a PAP1.

O resultado da filogenia sugere que as duplicações que deram origem aos parálogos ocorreram em diferentes momentos da história evolutiva das plantas, posteriormente a separação de monocotiledôneas e eudicotiledôneas (Figura 2). Eventos independentes de duplicação também marcaram a história evolutiva dessa família gênica.

CONCLUSÕES E PERSPECTIVAS

Homólogos dos genes PAP foram identificados em todas as espécies de plantas estudadas e agrupados filogeneticamente em quatro grupos principais. Duplicações que originaram os parálogos dos genes ocorreram em diferentes momentos da evolução das plantas. A manutenção desses parálogos nos genomas da maioria das espécies pode estar relacionada com processos de diversificação e adaptação a diferentes ambientes, já que os lipídeos são moléculas cruciais para o desenvolvimento e crescimento das plantas. Esses resultados poderão guiar futuros estudos funcionais desses genes em plantas.

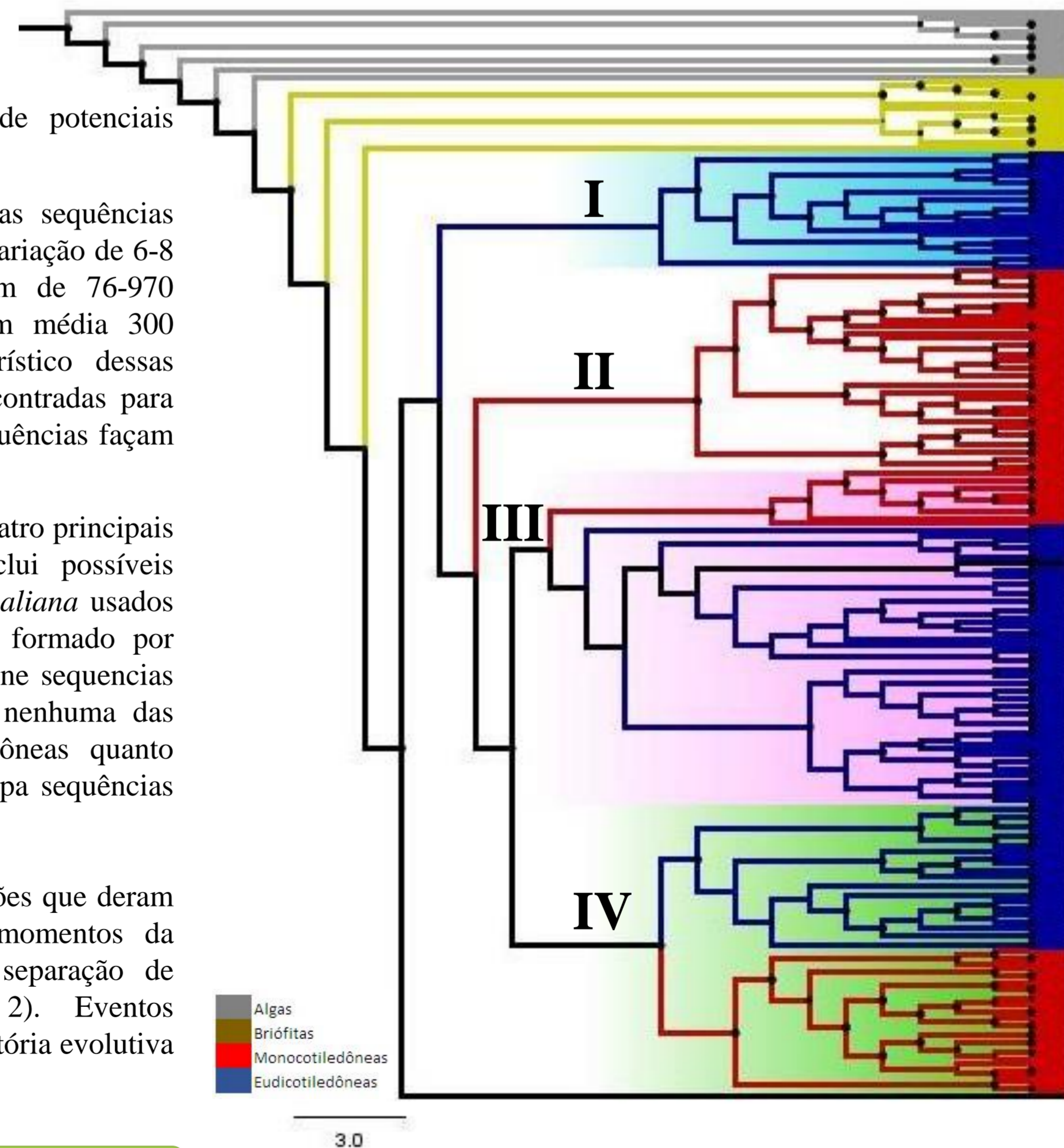


Figura 2. Análise Filogenética da família gênica PAP em plantas evidenciando quatro principais grupos (I-IV), com coloração de fundo azul, rosa e verde representando respectivamente as PAP4, PAP2 e PAP3, PAP1.