



| | |
|-------------------|---|
| Evento | Salão UFRGS 2018: SIC - XXX SALÃO DE INICIAÇÃO CIENTÍFICA DA UFRGS |
| Ano | 2018 |
| Local | Campus do Vale - UFRGS |
| Título | História evolutiva da família gênica ácido fosfatídico fosfatase (PAP) em plantas |
| Autor | MARIA EDUARDA GONCALVES LACERDA |
| Orientador | ANDRÉIA CARINA TURCHETTO ZOLET |

Título: História evolutiva da família gênica 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) foi recentemente identificado como um importante sinalizador molecular tanto em animais quanto em plantas; o acúmulo de PA em plantas de maneira transitória está associado, por exemplo, como resposta a diferentes formas de estresse. PA pode ser gerado pela ação da fosfolipase D (PLD) ou por ações sequenciais da fosfolipase C (PLC) e diacilglicerol (DAG). A enzima, ácido fosfatídico fosfatase (PAP - EC 3.1.3.4), catalisa a desfosforilação do PA para produzir DAG na biossíntese de lipídios de membrana e ainda no metabolismo de lipídios em plastídios e retículo endoplasmático. Genes PAP já foram bem caracterizados na planta modelo *Arabidopsis thaliana*, contudo trabalhos que indiquem a ocorrência e relação filogenética dessa família gênica em outras espécies ainda são escassos. Essa pesquisa teve por objetivo identificar e caracterizar genes que codificam a enzima PAP e entender sua história evolutiva em plantas. Sequências de quatro genes que codificam a enzima PAP (AT2G01180.1, AT1G15080.1, AT3G02600.1 e AT3G18220.1) em *A. thaliana* foram selecionadas como referência para a identificação de possíveis homólogos de PAP em outras espécies de plantas. Recursos genômicos de 51 espécies de plantas e algas disponíveis no banco de dados de genomas de plantas Phytozome v.12 foram usados para a realização das buscas por genes PAP usando a ferramenta BLAST. As sequências obtidas foram caracterizadas quanto a sua organização gênica e proteica usando bases de dados e ferramentas de bioinformática. Análises filogenéticas pelo método bayesiano foram realizadas para verificar o relacionamento evolutivo de parálogos e ortólogos, bem como para a análise sobre a origem das duplicações gênicas. As buscas no banco de dados de genomas das 51 espécies analisadas resultaram em um total de 251 sequências. A frequência de potenciais genes PAP por espécie variou de 1-17, sendo que as algas *Micromonas pusilla*, *Dunaliella salina* e *Ostreococcus lucimarinus* e a espécie irmã das angiospermas *Amborella trichopoda* apresentaram apenas 1 sequência, enquanto a espécie monocotiledônea *Panicum virgatum* apresentou 17 sequências. A maioria das espécies apresentaram entre 4 e 5 sequências. A distribuição de íntrons variou de 0-15 entre as 251 sequências, contudo cerca de 70% das sequências apresentou variação de 6-8 íntrons. As sequências proteicas preditas variaram de 76-970 aminoácidos, sendo que a maioria apresenta em média 300 aminoácidos. O domínio proteico PAP2 característico 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. A análise filogenética dessas sequências revelou a existência de quatro principais grupos em que cada um inclui possíveis ortólogos dos genes (AT2G01180.1, AT1G15080.1, AT3G02600.1 e AT3G18220.1). Sugere-se que as duplicações que deram origem aos parálogos ocorreram em diferentes momentos durante a evolução das plantas. Com os resultados obtidos até o momento conclui-se que genes que codificam a enzima PAP estão presentes em plantas e algas e que a maioria das espécies mantém duplicações desses genes em seus genomas. Isso revela a importância dessa família gênica nesses organismos. Finalmente esses resultados serão muito relevantes em futuros estudos funcionais desses genes em plantas.