

199

**ESTUDO COMPARATIVO DA EVOLUÇÃO MOLECULAR NAS PROTEÍNAS RELACIONADAS À PATOGÊNESE (PRS) E SEU GRUPO CONTROLE.** *Claudia Elizabeth Thompson, Sandro Luis Bonatto, Loreta Brandão de Freitas, Francisco Mauro Salzano (orient.)*

(Departamento de Genética, Instituto de Biociências, UFRGS).

As proteínas PRs (Pathogenesis-related proteins) constituem um grupo cuja análise dos mecanismos de evolução pode fornecer informações significativas, não apenas sobre os genes codificadores destas proteínas, mas também sobre outros genes de plantas. A análise das taxas de substituições sinônimas e não-sinônimas destas proteínas indica que um número significativo de seus códons está sujeito à ação da seleção positiva (proporções maiores que 1), sugerindo sítios para a seleção diversificadora favorável à variabilidade de aminoácidos. Com o objetivo de avaliar se esta é uma característica peculiar aos genes codificadores de PRs, uma análise semelhante está sendo conduzida com um grupo controle de 15 classes de proteínas, cuja função não está associada a mecanismos de defesa. O estudo envolve 265 seqüências, divididas em 36 subgrupos, com um total de 62 espécies analisadas, classificadas em 22 famílias botânicas. As seqüências protéicas foram obtidas a partir de banco de dados eletrônicos (Pfam) e submetidas a uma análise filogenética inicial usando o programa MEGA 2, sendo subseqüentemente divididas em subgrupos de acordo com sua similaridade. As seqüências de DNA foram obtidas também a partir do Pfam e alinhadas com auxílio do programa CLUSTALX. O programa CODEML do pacote PAML foi usado para determinar a probabilidade dos sítios individuais estarem sofrendo seleção positiva em cada conjunto de dados. A análise parcial dos resultados obtidos até o momento está indicando um número não significativo de códons sujeitos à pressão seletiva positiva, sugerindo que este mecanismo está presente na evolução das PRs devido a sua importância na defesa contra agentes patogênicos. A continuidade da análise e a inclusão de outros grupos de seqüências, cuja função esteja previamente determinada, poderá esclarecer as relações observadas entre estes dois grupos de seqüências. Apoio Financeiro: FINEP; PRONEX-CNPq; FAPERGS; PROPESQ-UFRGS, PIBIC/CNPq-UFRGS.