Descrição das formas da Oxitocina (OXT) para novas espécies de primatas do novo mundo

Autores: Luane Jandira Bueno Landau[1] e Maria Cátira Bortolini[1]
[1]Laboratório de Evolução Humana e Molecular, Departamento de Genética, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, RS, Brasil.

INTRODUÇÃO

A oxitocina (OXT) é um neurohormônio com amplo papel fisiológico e comportamental em primatas e outros mamíferos placentários através da ligação ao receptor de oxitocina (OXTR) e a três receptores de vasopressina. OXT modula comportamentos sociais complexos e reprodutivos. Apesar do alto grau de conservação de OXT ao longo da história evolutiva dos mamíferos placentários, cinco novas formas foram descritas recentemente para primatas do novo mundo. O objetivo deste trabalho foi descrever quais formas de OXT estariam presentes em espécies Plathyrrini ainda não investigadas.

METODOLOGIA

A região codificadora do gene *OXT* de 20 espécies de primatas do novo mundo das três famílias´de Plathyrrini (Atelidae, Pithecidae e Cebidae) foram sequenciadas. As sequências foram alinhadas no programa Mega X e comparadas com as demais sequências de *OXT* anteriormente descritas.

RESULTADOS

As espécies de bugio (gênero *Alouatta)* sequenciadas apresentaram a forma Leu8OXT. A espécie *Alouatta caraya* se mantém como única com a variante Phe2OXT. A variante Pro8OXT foi observada em *Ateles paniscus,* estando de acordo com as demais espécies já caracterizadas deste gênero. Na familia Cebidae, todas as espécies sequenciadas apresentam Pro8OXT, concordando que essa forma caracteriza a família Cebidae. A espécie *Saguinus midas*, entretanto, apresentou a variante Val3Pro8OXT, diferentemente do que havia sido encontrado anteriormente (Pro8OXT) para esta espécie. Nas espécies da família Pitheciidae sequenciadas para este estudo, *Pithecia mittermeier* apresentou a variante Thr8OXT. *Chiropotes satanas* apresentou a variante Ala8OXT e as espécies *Callicebus caligatis, Callicebus donacophilus, Callicebus dubius, Callicebus personatus, Callicebus caquetensis* apresentaram Leu8OXT.

DISCUSSÃO

A diversidade de formas de oxitocina presente nos primatas de novo mundo está relacionada com diferentes comportamentos como monogamia social e cuidado parental em Plathyrrini. O clado Pitheciidae foi o primeiro a emergir entre os Platyrrhini (~20,2Ma) e apresenta três formas do gene *OXT (*Ala8OXT, Leu8XOT e Thr8OXT), o que indica a possível emergência independente das duas variantes encontradas neste grupo. Todos os gêneros de cebídeos apresentam a Pro8OXT, sugerindo que a mutação está associada com a divergência da família (~20Ma). Ela representa a alteração mais radical do nonapeptídeo, já que muda a estrutura rotacional do peptídeo e sua hidrofobicidade. A variante Phe2OXT parece estar presente apenas em *Alouatta caraya*, pois não foi encontrada nas demais espécies sequenciadas deste gênero. Esta variante pode ter consequências funcionais para a espécie que ainda não estão claras. A espécie *Chirpotes albinasus* é a única dentro do gênero a ter a variante OXT-8Thr, o que levanta a possibilidade de que essa variante tenha surgido duas vezes ao longo da evolução. *Os* resultados descritos contribuem para o enriquecimento da compreensão da diversidade do gene *OXT* para o clado Platyrrhini e futuros estudos ajudarão a demonstrar sua importância funcional.

Legenda de cores

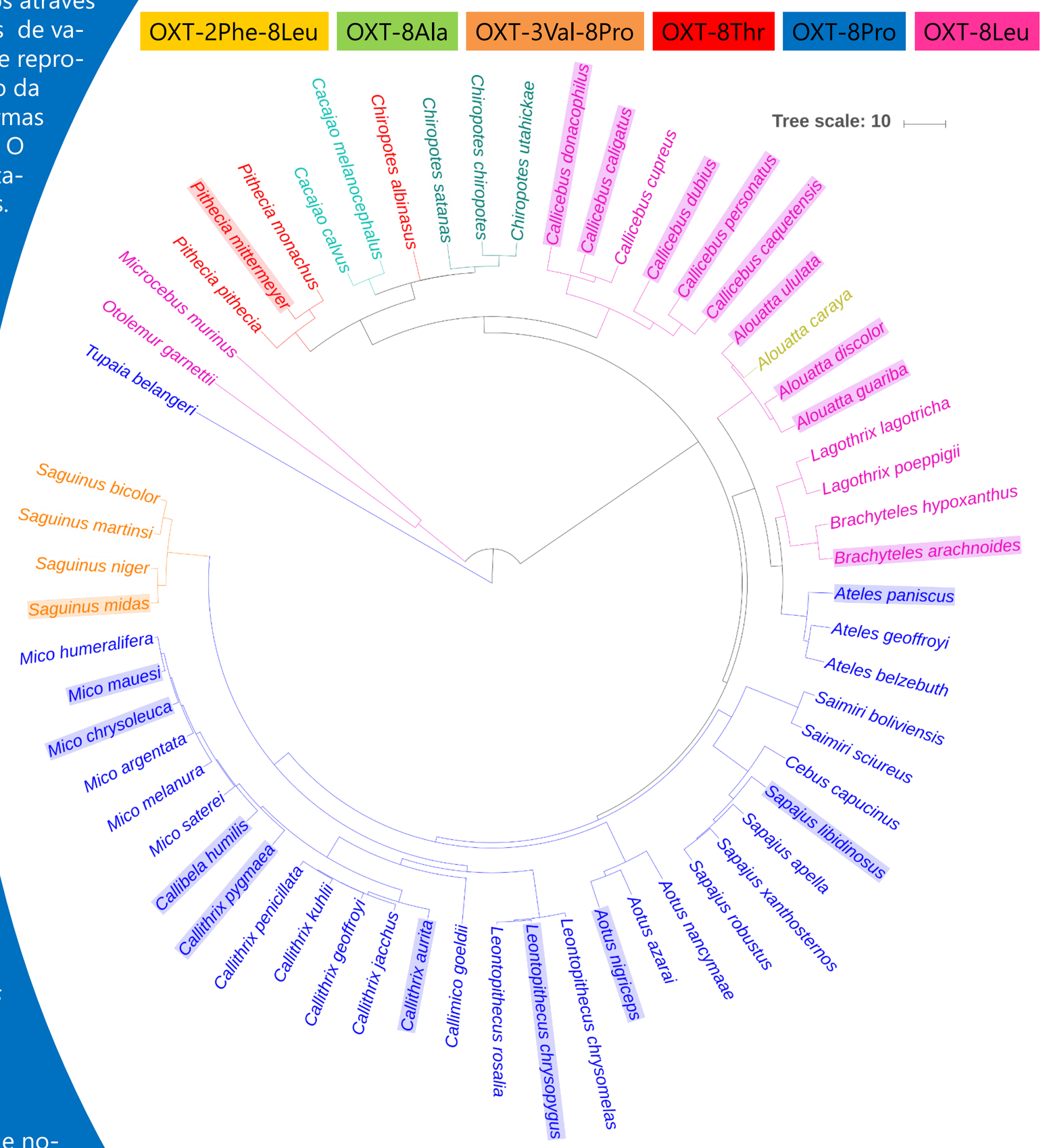

Figura 1. OXT variantes em macacos do novo mundo (clado Platyrrhini). Cada cor define uma das variantes de OXT de acordo com a legenda. As espécies demarcadas são as sequenciadas para este trabalho. As variantes foram compiladas de Lee et al. (2011), Ren et. al. (2015), e Vargas-Pinilla et al. (2015).

Referências

LEE, Alex G. et al. A novel form of oxytocin in New World monkeys. Biology Letters, [s. l.], v. 7, n. 4, p. 584–587, 2011.
REN, Dongren et al. Genetic Diversity in Oxytocin Ligands and Receptors in New World Monkeys. PLOS ONE, [s. l.], v. 10, n. 5, p. e0125775, 2015.
VARGAS-PINILLA, Pedro et al. Evolutionary pattern in the OXT-OXTR system in primates: Coevolution and positive selection footprints. Proceedings of the National Academy of Sciences, [s. l.], v. 112, n. 1, p. 88–93, 2015.