

001

COMPARAÇÃO IN SILICO DA CONSERVAÇÃO DO EXON2 DO GENE MSX1 EM MAMÍFEROS. *Felipe Ilha, Vanessa Paixão-Côrtes, Francisco Mauro Salzano, Maria Catira Bortolini da Silva (orient.) (UFRGS).*

A odontogênese é regulada por um grande grupo de genes do desenvolvimento, destacando-se o gene MSX1. Muitos estudos demonstraram a importância desse gene na formação dentária, sendo sua não-funcionalidade relacionada a agenesia dentária em humanos e camundongos. O estudo das mudanças evolutivas desse gene, através de estudos comparativos entre espécies de mamíferos pode contribuir para esclarecer como alterações nos genes são traduzidas em mudanças morfológicas. No presente trabalho, foram analisadas seqüências do exon 2 (460 pb) do MSX1, onde está localizado o motivo de ligação ao DNA (homeodomain), de 29 espécies de mamíferos, retiradas dos sites do Ensembl (www.ensembl.org) e do NCBI (www.ncbi.nlm.nih.gov). As seqüências foram alinhadas pelo algoritmo ClustalW. Utilizando-se o programa DnaSP, foi possível observar que 97% das mutações são silenciosas, enquanto que somente 3% causaram alteração na proteína. Com auxílio do programa PAML_3.15, foram calculadas as taxas de substituições sinônimas e não-sinônimas ($dN/dS=\omega$). Valores das taxas de substituição $\omega < 1$ e $\omega > 1$ indicam respectivamente seleção purificadora ou darwiniana. Já valores de $\omega = 1$ indicam que a hipótese de neutralidade não poderia ser descartada. Quando os modelos de substituição são comparados (M0-M3, M1a-M2a e M7-M8), nenhum deles destacou-se significativamente. Mas todas as taxas médias de substituições sinônimas e não-sinônimas ($\omega < 1$) são valores significativamente menores do que um, sinalizando que a principal força agindo no exon 2 de mamíferos, como esperado, é seleção purificadora. Contudo, na linhagem dos roedores, um único códon aparentemente está sob ação de seleção positiva. Serão realizados testes adicionais para estabelecer o melhor modelo evolutivo para este conjunto de dados.