Genoma comparado

Biologia & Ciências

Enviado por: Visitante

Postado em:12/11/2007

Consórcio internacional, com a participação de brasileiros, analisa seqüências de DNA de 12 espécies de moscas drosófilas. Estudo é importante para o avanço do conhecimento sobre processos evolucionários.Leia mais...

Um consórcio internacional de pesquisadores, com importante participação brasileira, compilou um catálogo de seqüências de DNA de 12 espécies diferentes de moscas drosófilas. O feito permitirá uma importante ampliação no conhecimento de uma das mais importantes espécies para estudos em biologia. Os resultados dos trabalhos foram publicados em oito artigos na edição desta quinta-feira (8/11) da revista Nature. Pesquisadores das universidades federais de Pernambuco (UFPE), Rio de Janeiro (UFRJ) e Rio Grando de Sul (UFRGS) participaram de um dos textos. De acordo com Antonio Bernardo de Carvalho, professor do Departamento de Genética da UFRJ e um dos autores brasileiros do estudo, a partir dos resultados, cada área da biologia desenvolverá investigações específicas. “É um estudo muito amplo. Pesquisadores de cada área vão trabalhar em artigos que explorem temas específicos. O estudo de uma grande quantidade de genomas parecidos proporciona a análise comparada sob inúmeras perspectivas”, disse Carvalho à Agência FAPESP. A pesquisa envolveu o seqüenciamento dos genomas de dez espécies de drosófilas, além das seqüências genéticas já publicadas da Drosophila pseudoobscura e da célebre Drosophila melanogaster, utilizada em ampla gama de estudos genéticos. O grupo de Carvalho contribuiu com estudos sobre o cromossomo Y da Drosophila melanogaster, sua especialidade desde 1995. “Pudemos observar que, ao comparar cromossomos de várias espécies, a maioria apresentava pouquíssima variação genética, ao contrário do cromossomo Y, no qual apenas 30% dos genes se conservam”, destacou. De acordo com os autores dos trabalhos, a análise comparativa de genomas múltiplos em um único quadro filogenético aumenta radicalmente a precisão das inferências evolucionárias, produzindo resultados mais robustos do que a análise de um único genoma. O conjunto de genomas das 12 espécies de drosófilas permite o estudo de taxas e padrões de divergência de seqüências, que podem trazer esclarecimentos sobre os processos evolucionários em escala genômica. “Com a comparação, podemos detectar graus diferentes de divergências entre os genes da drosófila no decorrer de seus 60 milhões de anos de evolução. Uma espécie muito similar – a D.simulans, tem um gene que está presente apenas na D.melanogaster. Com isso, sabemos que tal gene foi adquirido há 5 milhões de anos, quando as espécies se separaram”, explicou Carvalho. A análise comparativa, segundo os autores, também é importante porque as seqüências que resistiram a forças seletivas de evolução desde a mosca até a espécie humana podem ter grande significado funcional. Segundo o artigo, as novas seqüências genômicas expandem as ferramentas genéticas que fizeram da Drosophila melanogaster um modelo proeminente para a genética animal. Isso deverá estimular pesquisas importantes sobre mecanismos de desenvolvimento, biologia celular, genética, doenças, neurobiologia, comportamento, fisiologia e evolução. Apesar das notáveis semelhanças entre as espécies de drosófilas apresentadas, os pesquisadores identificaram diversas mudanças em genes codificadores de proteínas, em RNA não-codificantes e em regiões cis-regulatórias (que regulam a expressão genética em uma mesma fita de DNA ou RNA). Isso poderá provar e sublinhar diferenças na

ecologia e no comportamento das diversas espécies. A notável diversidade das espécies de drosófilas as tornam ideais para análises comparativas de dois aspectos evolucionários complementares: a seleção negativa – ou a presença de elementos genômicos funcionais que, apesar de terem passado por mutações, não tiveram mudança de função – e a seleção positiva, na qual há aquisição de novas funções em espécies diferentes. Ao comparar os genomas das 12 espécies, os pesquisadores mostraram que, tanto em pequena como em grande escala, os rearranjos genômicos são extremamente comuns. Também ressaltaram que cerca de um terço dos genes passou por seleção positiva por meio de mutações que afetam a posição de pelo menos um aminoácido. Isso sugere que a seleção positiva ocorre por meio de vários genes em um genoma. Além de Bernardo de Carvalho, participaram do estudo seu orientando de doutorado Leonardo Koerich, da UFRJ, Ana Garcia e Vera Valente, da UFRGS, Tania Rieger, da UFPE, e Claudia Rohde, da UFPE de Vitória de Santo Antão. O artigo Evolution of genes and genomes on the Drosophila phylogeny, que conta com a participação de pesquisadores brasileiros, e os demais podem ser lido por assinantes da Nature em www.nature.com. Por Fábio de Castro Agência FAPESP