

Análise comparativa de assinaturas genéticas em genes relacionados à amelogênese e dentinogênese em vertebrados

Camila S. Menezes (IC), Sérgio R. P. Line (PQ)

Resumo

Haja vista, a grande variabilidade dos padrões microestruturais do esmalte dentário, o objetivo do presente projeto é comparar a variação de assinaturas genéticas associadas à eficiência de tradução e de comparar a hidrofobicidade de proteínas presentes na matriz do esmalte e dentina em vertebrados. Há diferença apenas na tradução da região 3'UTR nos genes de animais com esmaltes prismático e aprismático, o tamanho da região 3'UTR foi maior nos animais com esmalte prismático.

Palavras Chave: Amelogênese, Dentinogênese, Assinaturas genéticas

Introdução

O sistema mastigatório é uma das partes mais complexas do organismo humano. O aperfeiçoamento deste sistema ocorreu de forma gradual durante a evolução dos vertebrados. As alterações na forma e número de dentes foram fatores cruciais que contribuíram para o desenvolvimento da mastigação. O esmalte e dentina são os principais tecidos que formam os elementos dentários. Dessa forma, o objetivo do presente projeto é comparar a variação de assinaturas genéticas associadas à eficiência de tradução e de comparar a hidrofobicidade de proteínas presentes na matriz do esmalte e dentina em vertebrados.

Resultados e Discussão

Foram obtidas assinaturas genéticas relacionadas à formação do esmalte e dentina, comparado o número de sequências codificantes entre esmalte e dentina e entre esmaltes prismático e aprismático e também as assinaturas genéticas entre esmalte e dentina e esmaltes prismático e aprismático e a hidrofobicidade proteica entre esmalte e dentina e esmaltes prismático e aprismático.

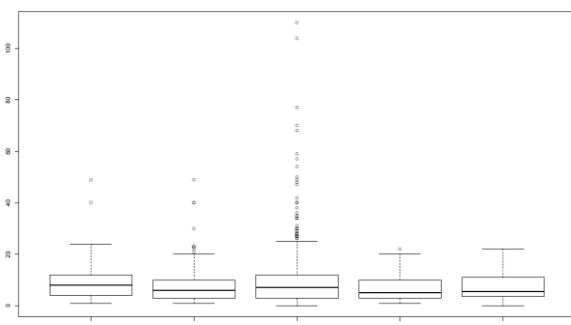


Figura 1. Número de sequências codificantes para genes expressos no esmalte, dentina, osso e cimento humano.

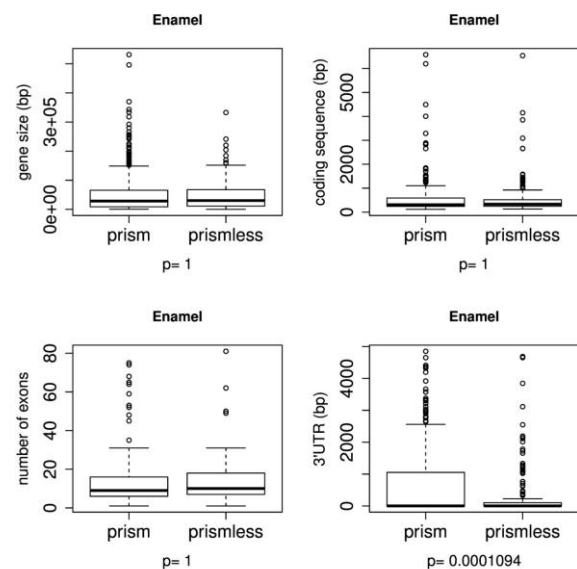


Figura 2. Medianas e intervalos inter quartílicos do número de pares de bases (BP) (gene size) e sequências codificantes (coding sequences) do número de exons (number of exons) e número de pares de bases das regiões 3'UTR dos genes de esmalte (i.e. Expressos em ameloblastos) em animais com esmalte prismático e aprismático.

Conclusões

Pode-se concluir que a variabilidade plástica evolutiva e variabilidade fenotípica do esmalte não estão associadas com o número de sequências codificantes para os genes deste tecido. Existiu diferença significativa entre o tamanho das regiões 3'UTR entre genes dos dois grupos analisados em esmalte.

Agradecimentos

Agradecimento à Fapesp por financiar o projeto.

Liu H, Yin J, Xiao M, Gao C, Mason AS, Zhao Z, Liu Y, Li J, Fu D. **Characterization and evolution of 5' and 3' untranslated regions in eukaryotes.** Gene. 2012;507:106–111. doi: 10.1016/j.gene.2012.07.03.