

Comparação de seqüências de genes da musculatura esquelética em primatas. Análise da eficiência de tradução e conservação energética.

Camila da Silva Menezes*, Sergio Roberto Peres Line

Resumo

O presente trabalho avaliou parâmetros de eficiência de tradução e gasto energético em tecido muscular esquelético, nervoso, epitelial, cartilagem e adiposo em humanos. Na comparação entre os tecidos humanos, os maiores valores de TAI (Índice de eficiência de tradução) foram encontrados nos genes expressos no tecido adiposo. Genes expressos exclusivamente no tecido adiposo também apresentaram os menores valores de tamanho das seqüências codificantes e gasto energético.

Palavras-chave:

Musculo, Genes, Evolução

Introdução

É sabido que as seqüências genéticas evoluem no sentido de otimizar a eficiência de expressão. O objetivo do presente trabalho é comparar parâmetros relacionados a eficiência traducional (tAi e tamanho da seqüência codificante) e conservação energética no uso de aminoácidos de genes expressos em tecidos humanos.

Resultados e Discussão

Os genes estudados foram obtidos no site “genecards” dos seguintes tecidos: Neural: 15660 genes estudados; Cartilagem: 1688 genes estudados; Osso: 7018 genes estudados; Adipócito: 1345 genes estudados; Epitélio: 5752 genes estudados; Músculo cardíaco: 6313 genes estudados; Músculo esquelético: 4174 genes estudados; Músculo estriado: 2215 genes estudados. Foram mantidos nas análises genes presentes exclusivamente em um dos tecidos (i.e. genes presentes em mais de 1 destes tecidos foram excluídos).

Comparação entre tecidos humanos:

A) Eficiência da tradução de códons.

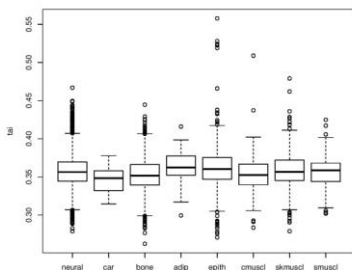


Figura 1. Valores de tAi dos genes nos tecidos estudados. neural = Neural, car = Catilagem, bone = Osso, adp = Adipócito, epith = Epitélio, cmuscl = Músculo cardíaco, skmuscl = Músculo esquelético, smuscl = Músculo estriado

Tabela 1. Comparação dos valores de tAi entre os tecidos pelo teste de Kruskal-Wallis e correção de Bonferroni.

```

Kruskal-Wallis chi-squared = 160.33, df = 7, p-value < 2.2e-16
Pairwise comparisons using Wilcoxon rank sum test

 1  2  3  4  5  6  7
2 0.0302 - - - - - -
3 6.4e-14 1.0000 - - - - -
4 6.3e-05 1.8e-05 1.5e-10 - - - -
5 3.6e-08 0.0013 < 2e-16 1.0000 - - -
6 0.0297 1.0000 1.0000 7.5e-07 2.5e-06 - -
7 1.0000 0.0331 3.9e-07 0.0040 0.0329 0.0341 -
8 1.0000 0.1082 0.3553 0.0777 1.0000 1.0000 1.0000
F value adjustment method: bonferroni
    
```

Tecidos
 1. neural
 2. cartilagem
 3. osso
 4. adipócito
 5. epitélio
 6. músculo cardíaco
 7. músculo esquelético
 8. músculo estriado

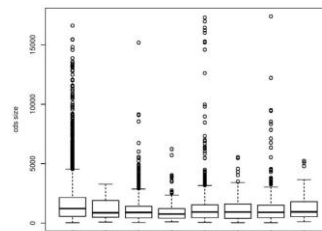


Figura 2. Tamanho das seqüências codificantes dos genes em tecidos humanos.

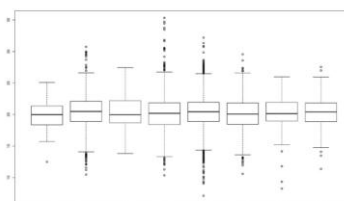


Figura 3. Gasto energético das proteínas em tecidos humanos.

Conclusões

Genes expressos em tecido adiposo mostraram maiores valores de TAI, menores tamanhos de seqüências codificantes e menor gasto energético. Estes resultados sugerem que aminoácidos presentes nestes genes sofrem pressão seletiva para otimizar a eficiência de sua expressão.

¹ Line SR1, Liu X, de Souza AP, Yu F. BMC Genomics. 2013 Apr 19;14:268.