

ANÁLISE DA TAXA DE SUBSTITUIÇÃO NUCLEOTÍDICA (KA/KS) EM GENES CODIFICADORES DE 191 GENOMAS CLOROPLASTIDIAIS DE ARECACEAE

Wagner Nunes Ribeiro^{1,2}; Adriana Maria Antunes Taquary¹; Ramilla dos Santos Braga Ferreira²; Cíntia Pelegrineti Targueta; Mariana Pires de Campos Telles¹; Lázaro José Chaves^{1,2}; Thannya Nascimento Soares^{1,2}

¹Laboratório de Genética & Biodiversidade, Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Goiás - UFG. ²Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, UFG. ³Universidade Federal de Rondonópolis. *E-mail do autor apresentador: wagner2@discente.ufg.br

A família Arecaceae, também chamada de Palmae, é uma das famílias de plantas monocotiledôneas mais diversas e significativas. Essas plantas desempenham um papel vital em vários ecossistemas, fornecendo habitat e alimento para uma ampla variedade de fauna. Além disso, as palmeiras têm grande importância econômica, sendo cultivadas para a produção de alimentos, óleo, fibras, madeira e muitos outros produtos. Estudos genômicos e evolutivos na família Arecaceae, como a análise da taxa de substituição de nucleotídeos (Ka/Ks), são essenciais para entender sua diversidade genética e investigar as pressões seletivas que atuam sobre os genes codificantes de proteínas. Este estudo envolveu a seleção de 191 genomas cloroplastidiais de palmeiras, dos quais 190 foram obtidos do banco de dados RefSeq do NCBI, enquanto o genoma de *Syagrus oleracea* foi sequenciado pela plataforma Illumina NextSeq 1000, montado com o *software* GetOrganelle v.1.7.7.0 e anotado pelos *softwares* GeSeq e CPGAVAS2. Foram utilizados 73 genes codificadores de proteínas (CDS) compartilhados entre as 191 espécies para calcular as taxas de substituições não sinônimas (Ka) e sinônimas (Ks), bem como a razão Ka/Ks. As sequências dos CDS foram alinhadas utilizando o programa MAFFT v.7, e as estimativas de Ka e Ks foram realizadas com o *software* DnaSP v6. Devido a valores médios de Ka serem iguais a zero, seis genes foram excluídos da análise Ka/Ks, resultando em 67 genes analisados. Os resultados mostraram que o valor médio de Ka (0,002) foi menor que o de Ks (0,0147) para todos os genes, sugerindo que as substituições sinônimas ocorrem com mais frequência do que as não-sinônimas. As razões Ka/Ks variaram entre 0,00 e 1,09, indicando a presença de genes sob pressão de seleção positiva, onde mutações não sinônimas são vantajosas e favorecem a adaptação, sendo fixadas pela seleção natural. Genes com razões Ka/Ks maiores que 1, como *rpoA* (1,02) e *ycf1* (1,09), sugerem uma pressão evolutiva para escapar do estado ancestral. Esses genes são essenciais para a fotossíntese e desenvolvimento do cloroplasto. Em particular, o gene *ycf1* apresentou alta variabilidade e foi favorecido pela seleção natural, indicando uma evolução rápida e adaptativa. Por outro lado, 35 genes apresentaram valores de Ka/Ks menores que 1, sugerindo seleção purificadora ou estabilizadora, enquanto 30 genes apresentaram valores de Ka/Ks iguais a 0, indicando uma seleção purificadora forte, onde substituições não sinônimas foram eliminadas. A análise de Ka/Ks nas espécies de Arecaceae revelou uma diversidade de pressões seletivas atuando sobre os genes codificadores de proteínas. A presença de genes sob seleção positiva e purificadora reflete a complexa dinâmica evolutiva dentro dessa família, destacando genes-alvo para estudos futuros em melhoramento genético e biotecnologia.

Palavras-chave: Evolução molecular, diversidade funcional, Seleção natural

Agradecimentos: Ao apoio financeiro da FAPEG (CP: 09/2022 – Proc. No: 202310267000550), à CAPES pela concessão da bolsa de pós-graduação, Ao Instituto Nacional de Ciência e Tecnologia em Ecologia, Evolução e Conservação da Biodiversidade (INCT – EECBio), no contexto do grupo de trabalho de Genética e Genômica Evolutiva, subsidiado pelo CNPq (proc. 465610/20145) e FAPEG (proc. 201810267000023).