

BIO 103 Biologia evolutiva

Exercício: Comparações de sequências de macromoléculas.

Prof. Dr. Sergio Russo Mاتيoli, Depto. de Genética e Biologia evolutiva, IB-USP

Abaixo, estão representadas as sequências alinhadas da sub-unidade 2 da oxidase do citocromo de algumas espécies de vertebrados

	1	10	20	30	40	50
	-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----					
<i>Gorilla gorilla</i>	MAHAAQVGLQDATSPIMEELIIFHDHALMIIFLICFLVLVYALFLTTLTKL					
<i>Pan paniscus</i>	MAHAAQVGLQDATSPIMEELIIFHDHALMIIFLICFLVLVYALFLTTLTKL					
<i>Latimeria chalumnae</i>	MAHPSQLGLQDAASPVMEEELLHFHDHALMIVFLISTLVFYIILAMMTTKM					
<i>Ambystoma mexicanum</i>	MAHPSQLGFQDAASPIMEELLFHDHALMAVFLISTLVLYIITVMMTTKL					
<i>Sibon nebulatus</i>	MPYAAQLTLQEATGPTMEEVIFLHDHVLLLTCLMSLVIMMFAITATTTTL					
	.:.:: :*:.:* ***: :***.*: *.: :*: ***:					
	51	60	70	80	90	100
	-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----					
<i>Gorilla gorilla</i>	TNTN-ISDAQEMETIWTLPAIILVLIALPSLRILYMTDEINDPSFTIKS					
<i>Pan paniscus</i>	TNTS-ISDAQEMETVWTLPAIILVLIALPSLRILYMTDEVNDPSFTIKS					
<i>Latimeria chalumnae</i>	TDKY-ILDAQEIEIVWTLPAIVLILVALPSLRILYLIDEVENPHLTIKA					
<i>Ambystoma mexicanum</i>	TNTN-AMDAQEIEIEMVWTIMPAIILIVIALPSLRILYLMDEINDPHLTVKA					
<i>Sibon nebulatus</i>	THNDPTEEVEQLEAAWTAAPIMILILTALPSVRSLYLMEEVFDPYLTIKA					
	.. :.:: ** * :.:*: ***: * *: *: *: *: *: *					
	101	110	120	130	140	150
	-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----					
<i>Gorilla gorilla</i>	IGHQWYWTYEYTDYGGILFNSYMLPPLFLEPGDLRLLDVDNRVLPVEAP					
<i>Pan paniscus</i>	IGHQWYWTYEYTDYGGILFNSYMLPPLFLEPGDLRLLDVDNRVLPVEAP					
<i>Latimeria chalumnae</i>	MGHQWYWSYEYTDYEELSFDSYMTPQLDNLPGQFRLLETDRHMVIPMESL					
<i>Ambystoma mexicanum</i>	IGHQWYWSYEYTDYDDLVFDSYMLPTQNLNPGEFRLLEVDNRMVVPMESP					
<i>Sibon nebulatus</i>	TGHQWYWNYEYSDHTPMSFDSYMTQTKDLQNGSPRLLEVDHRMTMPAGLO					
	*****.***: : *:*** *: *. ***:.*:.*:.*					
	151	160	170	180	190	200
	-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----					
<i>Gorilla gorilla</i>	VRMMITSQDVLHSWAVPTLGLKTD AIPGRLNQTTFTATRPGVYYGQCSEI					
<i>Pan paniscus</i>	VRMMITSQDVLHSWAVPTLGLKTD AIPGRLNQTTFTATRPGVYYGQCSEI					
<i>Latimeria chalumnae</i>	IRVLISAEDVLHSWAVPALGVKMDAVPGRLNQITFMISRPGLYYGQCSEI					
<i>Ambystoma mexicanum</i>	IRMLISAEDVLHSWAMPMSGIKTD AIPGRLNQTTFIASRPGVFYFGQCSEI					
<i>Sibon nebulatus</i>	TRIVVTAEDVLHSWTIPSLGVKVD AIPGRLNQIPLITSYGVGVFFGQCSEI					
	.:.::***: :*: * *:*** ***: ***:					
	201	210	220	230		
	-----+-----+-----+-----+-----+-----+-----					
<i>Gorilla gorilla</i>	CGANHSFMPIVLELIPLKIFEMGPVFAL---					
<i>Pan paniscus</i>	CGANHSFMPIVLELIPLKIFEMGPVFAL---					
<i>Latimeria chalumnae</i>	CGANHSFMPIVLEAIPDPFEDWSSSMLEEA					
<i>Ambystoma mexicanum</i>	CGANHSFMPIVVETTPLGHFQNWSSSMQE--					
<i>Sibon nebulatus</i>	CGANHSFMPIAVEAIPLYHFEQWTIKGQ---					
	*****.*: * *: *					

Os alinhamentos de macromoléculas são representações onde cada letra corresponde a um tipo de monômero (aqui no caso 1 letra para cada um dos 20 aminoácidos) onde está implícita uma hipótese de homologia. Onde há o símbolo (-) em uma sequência significa a ausência de um monômero mas que corresponde a um monômero homólogo em outra sequência, que implica um evento de inserção ou deleção durante a evolução desses organismos.

Na linha abaixo das sequências nucleotídicas os asteriscos indicam nucleotídeos que não variam entre as espécies.

- 1) Como você faria para estabelecer o parentesco entre essas espécies, baseado nesses dados? Tente estabelecer uma série de procedimentos que seja geral, ou seja, que possam ser utilizados em qualquer conjunto de dados semelhantes. Isso equivale a propor um algoritmo.
- 2) Qual seria a hipótese de parentesco desses organismos, baseado nesse sequência de macromoléculas?