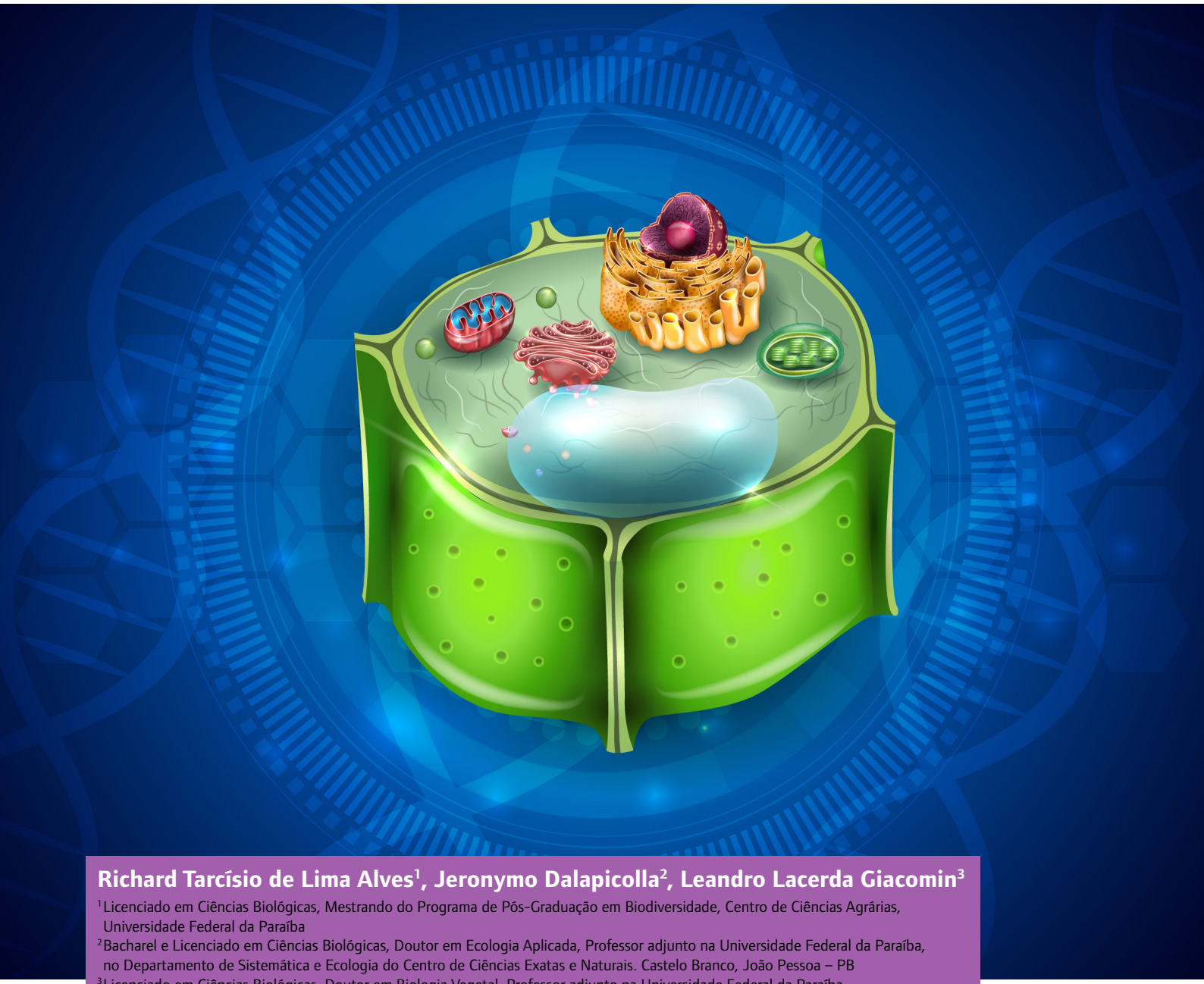
Genética na Escola – ISSN: 1980-3540

As plantas e seus três genomas: nuclear, plastidial e mitocondrial

Genoma - Conjunto completo de moléculas de DNA de um determinado compartimento celular de um organismo. Nas plantas há três genomas - o nuclear, o mitocondrial e o plastidial.



Richard Tarcísio de Lima Alves[1], Jeronymo Dalapicolla[2], Leandro Lacerda Giacomin[3]

[1]Licenciado em Ciências Biológicas, Mestrando do Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade, Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal da Paraíba

[2]Bacharel e Licenciado em Ciências Biológicas, Doutor em Ecologia Aplicada, Professor adjunto na Universidade Federal da Paraíba, no Departamento de Sistemática e Ecologia do Centro de Ciências Exatas e Naturais. Castelo Branco, João Pessoa – PB

[3]Licenciado em Ciências Biológicas, Doutor em Biologia Vegetal, Professor adjunto na Universidade Federal da Paraíba, no Departamento de Sistemática e Ecologia do Centro de Ciências Exatas e Naturais. Castelo Branco, João Pessoa – PB

Autor para correspondência - giacomin.leandro@gmail.com

Palavras-chave: DNA plastidial, DNA mitocondrial, evolução, duplicações

Genética na Escola – ISSN: 1980-3540

As plantas possuem material genético (DNA) em três compartimentos diferentes das células: no núcleo, no cloroplasto e na mitocôndria, conferindo às plantas uma maior complexidade genômica e as diferenciando da maioria dos outros eucariotos. Nas plantas com flores, normalmente, o genoma mitocondrial tem tamanho maior que o genoma do cloroplasto, sendo esse último o menor dos genomas da célula. Contudo, o genoma nuclear porta o maior número de genes, sendo, portanto, o genoma que controla a maior parte das funções celulares. Durante a história evolutiva das plantas, o genoma nuclear incorporou genes do cloroplasto e da mitocôndria por meio de transferência gênica. Além disso, há um histórico de duplicações no genoma nuclear das plantas, assim como outras características que o tornam dinâmico e complexo.

A origem dos três genomas

Há uma enorme diversidade de organismos vivos coabitando a Terra, da ordem de dezenas de milhões de espécies, e as diversas linhagens existentes possuem suas próprias características. Diante dessa complexa diversidade, na história da ciência, muitas classificações foram propostas, desde o século XVII, com a finalidade de organizar os organismos vivos em grupos. Mais recentemente, em 1990, Carl Woese propôs a classificação dos organismos vivos em três grandes grupos, chamados de domínios. São eles: Eukarya, Archaea e Bacteria. À época, essa classificação foi baseada na análise da **sequência do gene** que codifica o RNA ribossomal 16S (rRNA 16S). O RNAr 16S é uma molécula fundamental para a **síntese de proteínas**, pois é componente estrutural e funcional dos ribossomos (estruturas responsáveis pela tradução do RNA mensageiro em proteínas) e está presente em todos os organismos vivos. Os genes que codificam os RNAr16S possuem **sequências altamente conservadas** entre as espécies, possibilitando a construção de um sistema de classificação abrangente e com alta precisão. Contudo, a descoberta de novos grupos de organismos de Archaea nos últimos anos tem desafiado essa visão de três domínios. Desde a década de 2010, com o advento de métodos de **metagenômica**, foram descritas novas espécies de Archaea no sedimento do oceano Ártico, chamadas de "Asgard" (Filo Promethearchaeota). Essas espécies de Asgard possuem muitos genes que codificam proteínas envolvidas em processos complexos característicos da célula eucariótica. Além disso, quando foram incluídas em uma grande árvore da vida, foram recuperados apenas dois domínios, Bacteria e Archaea, sendo que os eucariotos formaram uma única **linhagem** que se origina dentro de Archaea. Atualmente, há uma discussão no mundo científico para alterar a classificação de três para dois domínios. Sendo um domínio independente ou não, o clado Eukarya reúne os organismos eucariotos, cujas células possuem um núcleo delimitado por uma membrana nuclear e o citoplasma onde se localizam as organelas. As organelas são estruturas delimitadas por membranas que desempenham funções celulares específicas.

Assim como os animais e fungos, as plantas fazem parte do clado Eukarya e, como todos os eucariotos, possuem um núcleo que abriga DNA, assim como organelas chamadas mitocôndrias, responsáveis pela produção energética da célula. As mitocôndrias são similares, quanto ao tamanho, a pequenas

Sequência do gene - É a ordem específica dos nucleotídeos que compõem um gene.

Metagenômica - Área da biologia que estuda o material genético de comunidades microbianas analisando o DNA total presente em uma amostra ambiental, como solo, água, intestino etc.

Linhagem - É uma sequência contínua de descendência de organismos, células ou genes que compartilham um ancestral comum.

Síntese de proteínas - É o processo biológico pelo qual as células produzem proteínas a partir das instruções contidas em um RNA mensageiro, transcrito a partir do DNA.

Sequências conservadas - São trechos de DNA, RNA ou proteínas que mantêm uma estrutura e sequência nucleotídica semelhante entre diferentes espécies ou entre diferentes genes dentro de um mesmo genoma, devido à sua importância funcional.

Genética na Escola – ISSN: 1980-3540

bactérias e, como essas, possuem DNA próprio, portanto, possuem certa independência funcional, podendo sintetizar algumas de suas próprias proteínas. É aceito que as mitocôndrias se originaram de bactérias aeróbias – aquelas capazes de usar oxigênio no processo de obtenção de energia – que foram englobadas por células incapazes de utilizar o oxigênio (anaeróbias) (Figura 1). Essa ideia foi chamada de "Teoria da Endossimbiose". Essa origem explica por que as mitocôndrias possuem DNA próprio e são envolvidas por duas membranas: uma delas seria a membrana original da bactéria e a outra teria se formado a partir da membrana da célula que a englobou.

As plantas e algumas algas, além de possuírem mitocôndria, têm uma outra classe de organelas delimitadas por membranas, os cloroplastos. Os cloroplastos realizam fotossíntese convertendo a energia luminosa, que vem do sol, em energia química, obtendo carboidratos como produto. Por isso os organismos que possuem cloroplasto são autótrofos, pois são capazes de produzir sua própria fonte de alimento. Assim como as mitocôndrias, os cloroplastos possuem DNA próprio e dupla membrana, além de um sistema interno de membranas, chamado de tilacoides, que está envolvido com a fotossíntese. De forma semelhante às mitocôndrias, os cloroplastos se originaram de bactérias fotossintetizantes que foram englobadas por células que já possuíam núcleo e mitocôndrias. Os eventos que deram origem a ambas as organelas são chamados de eventos endossimbióticos (Figura 1). As organelas mantiveram uma parte do genoma bacteriano original, embora a maior parte de seus genes tenha sido transferida para o núcleo da célula hospedeira. Esse processo deu origem a células com genomas de origem mista, contribuindo para a complexidade genética dos eucariotos fotossintetizantes.

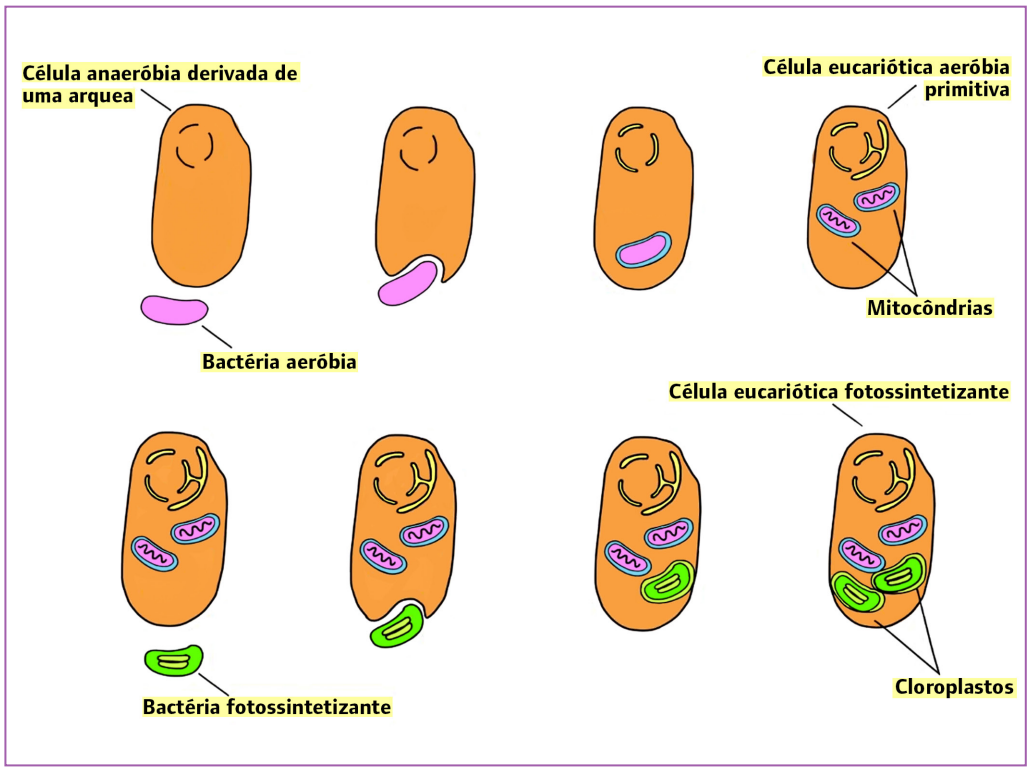


Figura 1.
Processos de endossimbiose que originaram as mitocôndrias e os cloroplastos. 1) Uma célula anaeróbia derivada de uma arqueia englobou uma bactéria aeróbia que passou a viver em endossimbiose, dando origem à primeira célula eucariótica com mitocôndria. **2)** Uma célula eucariótica inicial englobou uma bactéria fotossintetizante, dando origem aos cloroplastos.

Genética na Escola – ISSN: 1980-3540

Assim, as células vegetais possuem três diferentes genomas: o genoma nuclear, o genoma da mitocôndria (ou mitogenoma) e o genoma do cloroplasto (ou plastoma) (Figura 2). No geral, o plastoma e o mitogenoma são herdados principalmente do progenitor materno. Porém, a herança biparental estável de genomas organelares, isto é, de ambos os progenitores, surgiu várias vezes de forma independente na evolução de animais e plantas. Tal é o caso das plantas com sementes dos gêneros *Medicago* L. e *Pelargonium* L'Hér., e mesmo em plantas com herança amplamente materna, como o tabaco (*Nicotiana tabacum* L.), já se documentou a transmissão ocasional de plastídios por meio do pólen, embora com baixa frequência. Portanto, existem exceções. Condições como baixa temperatura podem alterar o modo como genomas plastidiais são herdados, mas não iremos nos aprofundar nisso por ainda ser um campo em investigação. No geral, a herança de plastídios é determinada por interações complexas entre genes e ambiente e as células possuem mecanismos para exclusão de genes plastidiais.

As plantas são responsáveis pela produção de biomassa por meio da fotossíntese e são diretamente utilizadas pela humanidade para alimentação, combustível, vestuário, medicina entre outros propósitos, sendo o grupo de organismos que representa a base da cadeia alimentar (trófica) no planeta. Compreender a organização e funcionamento dos genomas destes organismos nos garante melhor conhecimento acerca da sua fisiologia, assim como nos fornece informações sobre a história evolutiva do grupo, nos auxiliando na compreensão de sua origem e diversificação.

Plastídios - Organelas encontradas em plantas e em alguns protistas, que desempenham diferentes funções de acordo com o seu tipo. O cloroplasto, por exemplo, desempenha o papel de fotossíntese, os cromoplastos produzem e armazenam pigmentos e o leucoplastos estão envolvidos no armazenamento de substâncias.

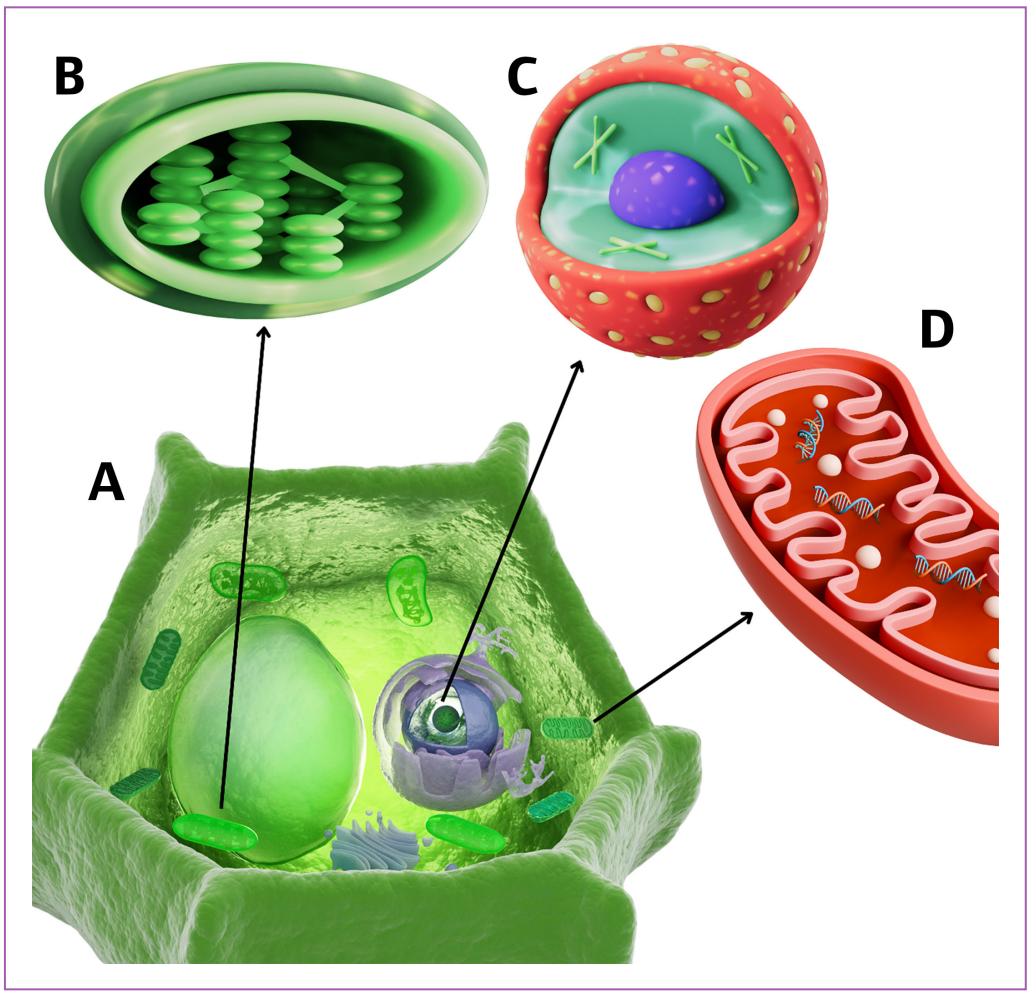


Figura 2.
A célula vegetal. A. Visão geral de uma célula vegetal. **B.** Cloroplasto. **C.** Núcleo. **D.** Mitocôndria.

Genética na Escola – ISSN: 1980-3540

O genoma nuclear

O genoma nuclear, em plantas e animais, é composto por DNA de dupla-fita e organizado em um número variável de moléculas lineares de tamanhos variáveis, os cromossomos. Os genomas nucleares vegetais possuem tamanhos e estruturas que variam muito, mesmo entre espécies proximamente relacionadas, incluindo diferenças no número e tamanho dos cromossomos, assim como na distribuição dos genes ao longo dessas estruturas. Em particular as **angiospermas**, plantas que produzem flores e frutos, possuem genomas nucleares relativamente complexos em relação aos demais seres vivos.

O tamanho dos genomas é mensurado em número de pares de bases totais (somando todos os cromossomos de um lote haploide) e expresso por "pb". Enquanto os genomas das plantas podem variar entre aproximadamente 100 milhões (Mb) e 150 bilhões (Gb) de pares de bases, distribuídos entre 4 e mais de 120 cromossomos, os genomas de animais geralmente apresentam entre 100 **Mb** e 3 **Gb** de pares de bases, com números de cromossomos variando de cerca de 6 a 100, dependendo da espécie.

Possuir um grande genoma não significa necessariamente que o organismo possua um maquinário celular mais complexo. De fato, apesar da grande variação no tamanho do genoma, o número de genes nas angiospermas varia entre 30.000 e 40.000. Além dos genes, dependendo da espécie, o genoma nuclear contém quantidades variáveis de sequências de DNA que se repetem, chamadas de elementos repetitivos. Entre eles, estão os elementos transponíveis, que são pedaços de DNA capazes de mudar de posição dentro do genoma, e as sequências do tipo DNA satélite, que consistem em trechos curtos com sequências que se repetem muitas vezes.

É suposto que os elementos transponíveis possuem origem viral, e como todos os organismos vivos, as plantas também estão sujeitas a infecções virais. Durante a evolução, as células dos organismos eucariotos incorporaram material genético (DNA) viral no seu próprio genoma, além de desenvolverem mecanismos para neutralizar os efeitos deletérios desse DNA. Alguns tipos de elementos transponíveis podem até se replicar e a multiplicação deles é um dos fatores que pode explicar o aumento do tamanho do genoma nuclear das plantas. Eles também estão associados ao aumento da diversidade genética, expansão e evolução do genoma, regulação da **expressão gênica** e **especiação**.

Existe uma correlação forte entre a fração do genoma composto por elementos transponíveis e o tamanho do genoma em angiospermas. Por exemplo, a *Arabidopsis thaliana* (L.) Heynh., uma planta modelo em estudos genéticos, possui um genoma relativamente pequeno de ~125 Mb com 14 % de elementos transponíveis. Por outro lado, o genoma de *Zea mays* L. (milho), com ~2.5 Gb, possui um conteúdo de elementos transponíveis que pode atingir 85%.

O número de cromossomos nucleares também é altamente variável nas angiospermas. Por exemplo, o genoma (haploide) do arroz de ~440 Mb é organizado em 12 cromossomos, enquanto o genoma da cevada de ~4,9 Gb é organizado em apenas 7 cromossomos. No gênero ***Solanum* L.**, o grupo que inclui espécies como a batata e o tomate, da família Solanaceae, as espécies podem variar, possuindo de 12 cromossomos em seu genoma haploide, como *S. lycopersicum* L. (o tomate), até 46 cromossomos, como em *S. laciniatum* Aiton, uma espécie nativa da costa leste da Austrália, conhecida popularmente como poroporo.

Contudo, existem espécies de outras famílias com um número de cromossomos ainda mais elevado. A planta com o maior número de cromossomos já registrado é uma samambaia, a *Ophioglossum reticulatum* L., com 1.440 cromossomos que agrupam um genoma com ~18 Gb. A planta com menor número de cromossomos conhecido é a *Haplopappus gracilis* (Nutt.) A. Gray da família dos girassóis e margaridas (Asteraceae), com apenas 2 pares de cromossomos (2N=4) e tamanho do genoma de ~1,5 Gb. Já o menor genoma de plantas conhecido pertence à es-

Angiospermas - É o grupo de plantas que produz flores e frutos e que representam a maior parte da diversidade de plantas.

Expressão gênica - É o processo pelo qual a informação contida em um gene no genoma, por meio dos processos de transcrição e tradução, é usada para produzir uma molécula funcional, no geral uma proteína ou um RNA.

Especiação - É o processo evolutivo que origina novas espécies a partir de uma população ancestral.

***Solanum* L.** - De acordo com o Código Internacional de Nomenclatura Botânica (CINB), quando algum cientista descreve um táxon (gênero, espécie) pela primeira vez e o nomeia, o seu nome deve vir após a espécie, indicando a sua autoria. Assim, o "L." no gênero *Solanum* é uma abreviação Carl Linnaeus, o pai da taxonomia moderna.

Gb, Mb e Kb - Referem-se a unidades de medida usadas para quantificar o tamanho de genomas. Um Gb representa 1 bilhão de pares de bases (pares de nucleotídeos, considerando que o genoma está composto por DNA dupla fita). Isso significa que uma espécie com um genoma de 18 Gb possui 18 bilhões de pares de bases (pb) em seu genoma. Da mesma forma Mb significa milhões de pb e Kb representa milhares de pb.

Genética na Escola – ISSN: 1980-3540

pécie *Genlisea aurea* A. ST.-Hil., uma planta carnívora endêmica do Brasil, com ~63,4 Mb. *Paris japonica* Franchet, nativa do Japão, com ~148,8 Gb, é a espécie de planta com maior genoma conhecido, cerca de 50 vezes maior que o genoma humano, o qual possui cerca de ~3,3 Gb. O grande número de cromossomos e genomas enormes encontrados em espécies de angiospermas é resultado de duplicações genômicas, assunto melhor abordado mais adiante neste texto.

Muitos genomas nucleares de plantas possuem cromossomos acessórios, com frequência chamados de cromossomos B. Eles são altamente condensados, pequenos e em grande parte não possuem genes funcionais, podendo haver, porém, exceções. Dentro de uma única espécie, os indivíduos podem ter vários ou nenhum desses cromossomos, alterando o número de cromossomos nucleares e o tamanho do genoma. Esses cromossomos possuem pouco efeito na biologia da espécie, contudo.

O DNA mitocondrial ou o mitogenoma

As mitocôndrias são organelas semiautônomas, isto é, possuem um certo grau de independência funcional e estrutural na célula. Isso decorre de algumas características da organela, como possuir seu próprio genoma e a capacidade de sintetizar as proteínas nele codificadas, e possuir a capacidade de replicação própria (se dividir de forma independente à divisão da célula na qual está). Essas características refletem a sua origem endossimbiótica a partir de um procarioto, que, em algum momento na evolução, foi englobado por uma célula eucariótica ancestral, como mencionado anteriormente.

Nas células, a mitocôndria sintetiza ATP (adenosina trifosfato), uma molécula importante para o fornecimento de energia para as funções celulares. Por isso, em algumas aulas de Biologia, é dito que a mitocôndria é a "usina elétrica da célula". O DNA mitocondrial, ou simplesmente mitogenoma, em plantas, pode variar de 66 Kb até 11,7 Mb, e possui maior tamanho e complexidade em relação ao mitogenoma dos animais. Mesmo dentro de uma espécie de planta, o mitogenoma pode sofrer variações devido à alta heteroplasmia, isto é, diferentes genomas mitocondriais, com sequências nucleotídicas diferentes, podem coexistir em uma mesma célula e sofrer recombinação. Uma célula pode possuir de centenas a milhares de mitocôndrias, e cada uma delas pode exibir até 1.000 cópias distintas do mitogenoma. Contudo, apesar da extensa variação em tamanho dos mitogenomas em plantas, o número de genes mitocondriais varia pouco entre as espécies. As porções dos mitogenomas que irão codificar proteínas são muito conservadas, por estarem associadas à constituição do maquinário proteico responsável pela respiração celular e síntese de ATP.

Os mitogenomas das plantas verdes consistem em moléculas de DNA de fita dupla e são geralmente encontrados nas formas circular, linear ou em uma combinação de ambas, ou seja, pode ocorrer a existência simultânea de moléculas de DNA lineares e circulares, chamados subgenomas. A grande variabilidade de tamanho e estrutura dos mitogenomas das plantas verdes se deve principalmente à existência de sequências repetidas contíguas que podem se recombinar.

A maior parte do genoma mitocondrial consiste em sequências não codificadoras que não são conservadas entre as espécies. Além disso, existem sequências exógenas, no mitogenoma vegetal, possivelmente devido à **transferência horizontal de DNA**, como fragmentos de DNA plastidial, nuclear ou viral. A função dessas sequências não codificantes é desconhecida e vem sendo alvo de estudos e pesquisas mais recentemente. Em função da complexidade de se trabalhar com genomas de tamanha variação, o mitogenoma foi pouco explorado em estudos que buscaram reconstruir a história evolutiva das plantas. Ao invés disso, buscou-se utilizar o genoma plastidial (plastoma) por possuir menos variação e por sua estrutura ser mais bem compreendida.

Transferência horizontal de DNA – É o processo pelo qual um organismo transfere material genético diretamente para outro organismo que não é seu descendente.

Genética na Escola – ISSN: 1980-3540

O mitogenoma possui menos genes em relação ao plastoma e ao núcleo e, na maioria das espécies, codifica um conjunto limitado de genes essenciais para a síntese de proteínas por ele codificadas, respiração celular (cadeia de transporte de elétrons) e metabolismo energético (síntese de ATP).

O DNA cloroplastidial ou o plastoma

O cloroplasto é uma organela exclusiva de Archaeplastida, um supergrupo de eucariotos que inclui todas as plantas, algas verdes, algas vermelhas (Rhodophyta) e um pequeno grupo de algas unicelulares, as Glaucophytas. A terminação "ophyta" refere-se à categoria filo, ou divisão. Esta organela é de extrema importância para os organismos fotossintetizantes, pois é ela que possibilita a fotossíntese, como anteriormente mencionado. A única exceção corresponde às cianobactérias, procariotos que realizam fotossíntese sem a presença dessa organela.

O plastoma consiste em uma molécula de DNA circular de fita dupla. A estrutura é relativamente simples, existindo em forma quadripartida, isto é, dividida em quatro partes, com regiões de cópias únicas grandes e pequenas, separadas por regiões repetidas e invertidas. Em angiospermas, o plastoma possui de 110 a 150 genes e é o menor dos três genomas das plantas. No plastoma não são observadas grandes quantidades de DNA repetitivo como nas mitocôndrias e espera-se uma menor variação entre espécies proximamente relacionadas.

O plastoma codifica, especialmente, proteínas essenciais para a síntese de proteínas por ele codificadas, assim como proteínas que participam da fotossíntese.

A enzima Ribulose-1,5-bifosfato, ou apenas Rubisco, é a proteína mais abundante na natureza. Ela atua no cloroplasto e desempenha uma função fundamental na fotossíntese, pois é a encarregada de incorporar o dióxido de carbono atmosférico numa molécula orgânica, passo inicial para a produção de carboidratos. A Rubisco é uma proteína formada por duas subunidades (dois peptídeos diferentes), a grande *rbcL* e a pequena *rbcS*, codificadas pelo genoma plastidial e nuclear, respectivamente. Devido à sua função altamente conservada evolutivamente, o gene *rbcL* é encontrado em todos os organismos fotossintetizantes, o que permitiu a criação de um banco de dados para ser usado na sistemática molecular, utilizando sua sequência para estudar o grau de parentesco entre as espécies. Com o avanço das tecnologias de sequenciamento de DNA, hoje pode-se sequenciar um genoma inteiro com maior rapidez e menos recursos do que algumas décadas atrás e, neste sentido, a sistemática passou a utilizar muitos genes para resolver incertezas taxonômicas ou até o genoma nuclear completo de um organismo e não apenas um ou poucos genes.

Relação núcleo – mitocôndria – cloroplasto

O genoma nuclear, com o maior número de genes, é quem controla a maior parte das atividades celulares e coordena a função das diferentes organelas. Isso é possível pois, ao longo da evolução, desde os eventos de endossimbiose que deram origem às mitocôndrias e aos plastídios, houve transferência de genes dos genomas organelares para o genoma nuclear. Portanto, os genes que codificam a grande maioria das proteínas encontradas nas mitocôndrias e nos plastídios estão localizados no genoma nuclear. Esse processo é chamado de transferência gênica endossimbiótica, que é diferente da transferência horizontal. Enquanto a transferência horizontal ocorre entre organismos distintos, a transferência endossimbiótica ocorre dentro do próprio organismo, quando genes de organelas resultantes de eventos endossimbióticos são transferidos ao núcleo e vice-versa.

Genética na Escola – ISSN: 1980-3540

Um exemplo de um gene do plastoma que foi incorporado no genoma nuclear é o que codifica o **fator de iniciação** da **tradução** do cloroplasto 1 (INFA), o qual já foi identificado no genoma nuclear em plantas como *Solanum lycopersicum* L. (Tomate) e *Glycine max* (L.) Merr. (Soja). Outro exemplo semelhante se refere aos genes *RPL22* e *RPL32* que codificam proteínas ribossomais plastidiais. A transferência de genes do cloroplasto para o núcleo também ocorreu em um grupo de genes chamados *RARgenes*, que estão relacionados ao processo de reparo e recombinação do DNA plastidial. Um outro exemplo emblemático é o da Rubisco, anteriormente mencionada. A subunidade rbcS é transcrita no núcleo, traduzida no citoplasma e exportada para o interior do cloroplasto. No plastídio, a rbcS irá se acoplar ao produto do gene *rbcL* codificado pelo genoma plastidial, que será transcrito e traduzido pela maquinaria procariota de expressão gênica do cloroplasto para dar origem, finalmente, à Rubisco ativa.

Fator de iniciação - Proteínas essenciais que sinalizam o início correto do processo de tradução gênica.

Tradução - Processo pelo qual a informação contida em um RNA mensageiro (RNAm) é decodificada para produzir uma proteína funcional.

Ambos, mitocôndria e cloroplasto, transferiram um grande volume de genes para o núcleo, e, portanto, dependem de proteínas codificadas por ele e direcionadas às organelas para a preservação de vias bioquímicas essenciais para o funcionamento organelar.

Ao analisarmos alguns parâmetros dos três genomas da planta modelo *Arabidopsis thaliana*, podemos observar algumas diferenças evidentes entre os três genomas vegetais (Tabela 1). O mitogenoma é o maior dos genomas organelares, enquanto o plastoma é o menor. Contudo, o maior número de genes está presente no genoma nuclear, sendo o maior dos três genomas.

Tabela 1.
Genomas de *A. thaliana*, uma planta modelo para estudos em genética vegetal. Os valores indicados na tabela são aproximados.

	Nuclear	Plastidial	Mitocondrial
Tamanho do genoma	119.668.634	154.478	367.808
Número de genes	38.311	129	57
Genes codificadores de proteína	27.700	85	33

O genoma das plantas com flores possui um histórico de duplicação

A **poliploidização** do genoma parece ter sido um evento frequente ao longo da história evolutiva das plantas, especialmente em plantas com sementes, as **espermatófitas**.

A duplicação do genoma inteiro, duplicação de gene em *tandem* (duplicações contíguas) e duplicação de segmentos do genoma geram **genes parálogos**. Após a duplicação, enquanto alguma(s) cópia(s) mantém a função ancestral, alguns parálogos acumularão alterações na sequência de DNA, levando à perda ou ao ganho de novas funções para algumas das cópias do gene duplicado.

Poliploidização - Processo pelo qual a célula multiplica o número de conjuntos completos de cromossomos.

Já foram encontradas evidências de episódios de duplicações no genoma do ancestral comum das espermatófitas, assim como no ancestral das angiospermas. Esses eventos se concentraram em torno de 319 e 182 milhões de anos atrás. As duplicações resultaram na diversificação de genes envolvidos no desenvolvimento de sementes e flores, contribuindo para a grande diversificação do domínio das plantas com sementes e flores.

Espermatófitas - Plantas com sementes.

Genes parálogos - São genes de origem comum (homólogo), que surgiram por eventos de duplicação (genômica, segmental ou contígua), mas que divergem de maneira independente.

Genética na Escola – ISSN: 1980-3540

Concluindo…

As plantas constituem um grupo muito diversificado em termos de número de espécies, especialmente quando nos referimos às plantas com flores. Sua diversidade morfológica é um reflexo de sua complexidade e dinâmica genética. Elas possuem uma estonteante diversidade de formas e, por isso, Charles Darwin, o pai da teoria da evolução, chegou a se referir às plantas com flores como "um mistério abominável". Esse mistério é em parte explicado quando vislumbramos os mecanismos de evolução das plantas, como os elementos transponíveis e as duplicações genômicas, alguns dos mecanismos associados à sua diversificação.

Estudar o genoma completo das plantas pode nos oferecer valiosas informações sobre seu funcionamento, constituição e evolução. Com o advento das tecnologias de sequenciamento de alto rendimento (técnicas de sequenciamento de DNA de nova geração), botânicos, geneticistas e biólogos evolucionistas do mundo inteiro têm um universo ainda maior para investigar e descobrir. Aprofundar nosso conhecimento sobre os organismos fotossintetizantes é essencial, por serem a base para a existência da grande maioria das outras formas de vida que habitam nosso planeta.

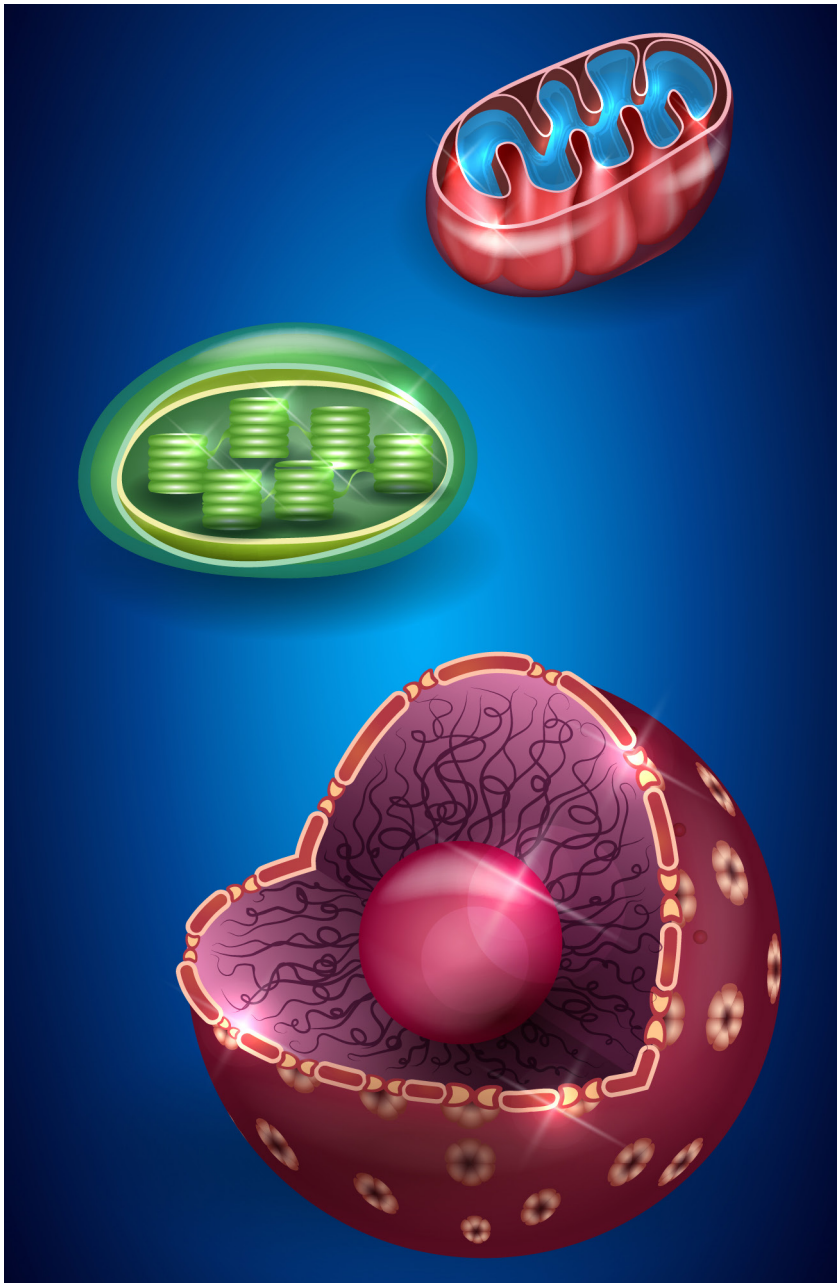
Para saber mais

BUCHANAM, B., GRUISSEM, W., JONES, R. *"Biochemistry and Molecular Biology of Plants"*, Wiley Blackwell, Second Edition, 1400 p. 2015: American Society of Plant Biologists

DOBROGOISKI, J., ADAMIEC, M., LUCINSKI, R. The chloroplast genome: a review. *Acta Physiologiae Plantarum*, v. 42, n. 98, p. 1-13, 2020. https://doi.org/10.1007/s11738-020-03089-x.

EVERT, R. Y., EICHHORN, S. E. *Raven Biologia Vegetal*. 2014: Guanabara Koogan.

SMITH, D. R., KEELING, P. J. Mitochondrial and plastid genome architecture: Reoccurring themes, but significant differences at the extremes. *PNAS*, v. 112, n. 33, p. 10177-10184, 2015. https://doi.org/10.1073/pnas.1422049112.

Agradecimentos

R. T. L. Alves agradece à FAPESQ/PB e SECTIES pela bolsa concedida por meio do edital n. 11/2024 Concessão de Bolsas de Mestrado Sanduíche e Doutorado Sanduíche para Mobilidade Internacional do Programa Paraíba sem Fronteiras, que gerou este texto como um dos produtos do período vivenciado na Universidade de Helsinki, na Finlândia. Assim como agradece a bolsa regular concedida pela FAPESQ-PB por meio do edital n. 08/2023. J. Dalapicolla e L. L. Giacomin agradecem aos financiamentos concedidos pelo CNPq (408914/2023-8 e 404996/2024-8).