



ANÁLISE FILOGENÉTICA DA FAMÍLIA MULTIGÊNICA DA S-ADENOSIL METIONINA DESCARBOXILASE EM ANGIOSPERMAS

THAIS ANDRADE GERMANO; LYNDEFÂNIA MELO DE SOUSA; JOSÉ HÉLIO COSTA; JOSÉ FRANCISCO DE CARVALHO GONÇALVES; ANDREIA VARMES FERNANDES GONÇALVES

Introdução: S-adenosil metionina descarboxilase (SAMDC) é uma enzima-chave na biossíntese de poliaminas, aminas catiônicas envolvidas em vários processos celulares. Nas plantas, as poliaminas desempenham funções essenciais durante o crescimento e desenvolvimento, atuando inclusive na proteção das células em respostas a diferentes tipos de estresses. Esses compostos são sintetizados a partir dos grupos aminopropil liberados da descarboxilação de S-adenosil metionina, reação catalisada pela SAMDC. Apesar da importância das poliaminas, poucos estudos têm discorrido sobre a filogenia da SAMDC em plantas. **Objetivo:** Portanto, o objetivo desse trabalho foi identificar, caracterizar e analisar a distribuição filogenética da família multigênica *SAMDC* em angiospermas. **Metodologia:** Para isso, os genes *SAMDC* foram identificados em espécies monocotiledôneas e dicotiledôneas através de buscas em bancos de dados disponíveis no NCBI, utilizando a ferramenta BLAST. Em seguida, a análise filogenética foi conduzida usando o programa MEGA 11.0. **Resultado:** O resultado revelou que *SAMDC* é codificada por uma pequena família multigênica variando entre 3 (*Ananas comosus* e *Fragaria vesca*) e 8 (*Musa acuminata*) genes identificados por espécie. Além disso, os genes *SAMDC* continham entre 1 e 4 éxons com destaque para *Ananas comosus* que mostrou um único éxon para cada um dos membros gênicos. Entretanto, as janelas de leitura aberta (ORFs) dos genes *SAMDC* não apresentaram íntrons com exceção de *Mangifera indica* e *Oryza sativa* nas quais foram verificados genes *SAMDC* com 1 íntron. Inclusive, a presença de íntrons na região não traduzida (UTR) 5' parece ser uma característica dessa família multigênica. A análise filogenética agrupou as proteínas em três subfamílias identificadas como *SAMDC3*, *SAMDC5* e *SAMDC4* com base em *Arabidopsis thaliana*, onde prevaleceram as espécies dicotiledôneas, monocotiledôneas e de ambas as classes, respectivamente. Contudo, dentro de cada subfamília formaram-se dois grupos: um com monocotiledôneas e outro com dicotiledôneas. Além disso, algumas subfamílias apresentaram duas ou mais sequências muito idênticas dentro da mesma espécie indicando duplicações gênicas recentes. **Conclusão:** A diversidade estrutural, bem como na composição das famílias multigênicas entre espécies potencializa o interesse de se estudar a função gênica a fim de se identificar membros gênicos específicos para aplicação biotecnológica.

Palavras-chave: Monocotiledônea, Dicotiledônea, íntron, Orf, Blast.