



B0244

ANÁLISE FILOGENÉTICA DAS ENZIMAS GLICOLÍTICAS COLETADAS A PARTIR DE QUATRO BANCOS DE DADOS DE VIAS METABÓLICAS

Renato Milani (Bolsista PIBIC/CNPq) e Prof. Dr. Eduardo Galembeck (Orientador), Instituto de Biologia - IB, UNICAMP

A análise filogenética molecular de seqüências biológicas vem sendo utilizada para a abordagem de questões de extrema importância para a Biologia. A aplicação de tais técnicas para determinar como as seqüências das enzimas da via glicolítica e seus genes evoluíram é o propósito deste trabalho. Um banco de dados construído em MySQL contendo informações coletadas sobre 33 enzimas da glicólise de 72 organismos (EC numbers: 1.1.1.27, 1.1.1.28, 1.2.1.12, 1.2.1.13, 1.2.1.9, 2.7.1.1, 2.7.1.11, 2.7.1.146, 2.7.1.147, 2.7.1.2, 2.7.1.40, 2.7.1.41, 2.7.1.63, 2.7.1.69, 2.7.1.90, 2.7.2.-, 2.7.2.3, 2.7.9.1, 3.1.3.10, 3.1.3.13, 3.1.6.3, 3.2.1.86, 3.6.1.7, 4.1.2.13, 4.2.1.11, 4.6.1.-, 5.1.3.15, 5.1.3.3, 5.3.1.1, 5.3.1.9, 5.4.2.1, 5.4.2.2, 5.4.2.4) presentes em quatro bancos de vias metabólicas (KEGG, ExPASy, MetaCyc e PUMA2), serviu de base para alinhamentos entre as seqüências de nucleotídeos e aminoácidos, usando o algoritmo ClustalW com parâmetros padrão implementado no software BioEdit, tanto individualmente para cada enzima quanto de forma concatenada, alinhando a via glicolítica de cada organismo. Árvores filogenéticas foram construídas a partir dos alinhamentos, evidenciando a relação evolutiva entre o conjunto de enzimas. Os alinhamentos e árvores produzidos atestaram a validade do método utilizado e reforçaram algumas das últimas tendências filogenéticas na classificação de organismos.

Filogenia - Glicólise - Evolução