

Um Padrão Suspeito de Deleções

Por **Andrew Jones**

Recentemente Winston Ewert publicou um artigo na [BIO-Complexity](#) sugerindo que a vida é melhor explicada por um gráfico de dependência do que por uma árvore filogenética. O estudo examina a presença ou ausência de famílias de genes em diferentes espécies, mostrando que famílias de genes precisariam ter sido perdidas muitas vezes (em um mesmo padrão) se a ancestralidade comum fosse verdadeira. Além disso, o padrão dessas perdas repetidas¹ exibe um ajuste "suspeitamente" melhor a outro padrão: um gráfico de dependência.

Nota do tradutor ¹: a ideia de perdas já é uma interpretação evolutiva para o caso.

Acontece que esse padrão de "exclusões" não aleatórias foi percebido antes, embora pareça que os pesquisadores envolvidos não tenham percebido que poderiam estar olhando para um gráfico de dependência. Em 2004, Austin Hughes e Robert Friedman publicaram um artigo intitulado "[Derramando o lastro genômico: extensa perda paralela de famílias de genes ancestrais em animais](#)". (Para mais sobre Hughes, que faleceu em 2015, veja [aqui no jornal online Inference](#)). Do resumo:

Um exame do padrão de perda da família de genes em genomas de animais completamente sequenciados revelou que as mesmas famílias de genes foram perdidas independentemente em diferentes linhagens em uma extensão muito maior do que o esperado se a perda de genes ocorresse aleatoriamente.

O genoma nematoide

Eles observaram que diferentes aspectos do genoma do nematoide sugerem que ele pertence a diferentes lugares da árvore da vida. Eles argumentam que a presença ou ausência de genes poderia ser melhor para inferir relações filogenéticas do que semelhanças de sequências, e eles descobriram que esse método produzia a árvore filogenética padrão com suporte 100% às estruturas essenciais. No entanto, eles também descobriram que muitos genes foram "perdidos" em paralelo, em múltiplos ramos da árvore. Uma crítica ao trabalho de Ewert é que esse fenômeno pode ser devido à falta de dados: nem todos os genes de todas as espécies foram

catalogados. Mas Hughes e Friedman usaram cinco genomas inteiros, e assim eles poderiam argumentar que o padrão é real, não um artefício.

Hughes e Friedman também argumentam que **a transferência horizontal de genes é uma explicação muito menos provável, uma vez que raramente é vista em animais**, e é ainda mais devido ao fato de algumas famílias de genes estarem “perdidas” ou outras serem “extras”. Os desvios da árvore não são distribuídos aleatoriamente.

Funções essenciais descartáveis?

Além disso, muitas das famílias de genes "perdidos" não aleatoriamente eram elementos da maquinaria nuclear da célula, incluindo proteínas envolvidas na síntese de aminoácidos, síntese de nucleotídeos e tradução de RNA para proteína. Apesar disso, os pesquisadores argumentaram:

O fato de numerosas famílias de genes terem sido perdidas em paralelo em diferentes linhagens animais sugere que esses genes codificam proteínas com funções que foram repetidamente descartáveis ??em relação à evolução dos animais.

Funções principais que também são descartáveis? Os pesquisadores estão sugerindo que todas as famílias de genes estavam presentes no ancestral comum de todos os animais, que **tinham um metabolismo maciço e ineficiente**, com múltiplos caminhos diferentes para fazer qualquer síntese particular, e então os perderam ao longo do tempo porque os animais precisam ter **um metabolismo mais eficiente**. Tudo bem, mas por que tem todos esses caminhos extras? E quando todas as famílias de genes deveriam ter evoluído? Isso manobra todos os eventos evolutivos criativos (construção de complexidade) de volta ao Big Bang biológico da Explosão Cambriana.

A hipótese de Ewert explica os mesmos dados de maneira mais simples: nunca houve um ancestral inchado e esses genes não foram perdidos tantas vezes. O padrão não é melhor explicado por qualquer tipo de árvore. É melhor explicado por um gráfico de dependência².

Nota do tradutor ²: E podemos acrescentar o fato das novas maquinarias que surgiram independentemente estarem sobre os mesmos princípios de design. Teríamos a coincidência perpétua nas deleções e nas novidades de estruturas biológicas.

...

Andrew Jones. A Suspicious Pattern of Deletion. Agosto 23, 2018.

[\(Acessar\)](#)