

Dados de expressão génica em larga escala dão novas pistas sobre a evolução das plantas terrestres

Novos dados identificam padrões de expressão génica semelhantes entre órgãos equivalentes de plantas diferentes e sugerem que novos órgãos terão evoluído através do reaproveitamento de genes pré-existentes.

Por volta de 500 a 470 milhões de anos atrás, as plantas começaram a colonizar o ambiente terrestre. Os primeiros exemplos possuíam um pequeno eixo terminado por uma estrutura capaz de formar esporos, quase como os atuais musgos. A partir daí, a diversidade de espécies de plantas explodiu. Novos órgãos e estruturas permitiram às plantas alterar dramaticamente a superfície do nosso planeta. Os níveis de dióxido de carbono desceram, a abundância de oxigénio aumentou e a vida na terra prosperou.

Evoluir tamanha diversidade de órgãos, como raízes, folhas, ou gâmetas imóveis, requer mudanças genéticas coordenadas: aparecimento de novos genes, reaproveitamento de material genético, e desenvolvimento de novos programas regulatórios. “A atividade dos nossos genes é diferente em todos os órgãos e muitos deles estão ativos apenas em lugares específicos. Isto é o que faz com que cada órgão se desenvolva e desempenhe a sua função. E isto não é diferente em plantas”, explica **Jörg Becker sobre o trabalho desenvolvido enquanto** investigador principal do IGC e membro do Green-it. Jörg entretanto passou a liderar o Laboratório de **Reprodução e Evolução de Plantas no ITQB NOVA**, e **assina o artigo com dupla filiação.**

Num estudo publicado na **Nature Plants**, um consórcio entre a Europa – incluindo a equipa liderada por Jörg Becker –, os Estados Unidos e Singapura introduz um atlas que compila dados de expressão génica de dez espécies diferentes de plantas terrestres—a maior coleção até à data. “Apercebemo-nos que a colaboração entre especialistas de áreas diferentes era uma oportunidade única para maximizar as sinergias e evitar duplicar esforços”, destaca Jörg. Focando-se na análise detalhada dos dados coletados, a equipa propôs-se a identificar novos componentes envolvidos na formação de órgãos e células sexuais. “Comparar dados provenientes de espécies tão diferentes permitiu-nos distinguir genes importantes para a reprodução de todas as plantas terrestres daqueles que só importam para as plantas com flor”, exemplifica o investigador.

A análise comparativa identificou uma grande porção da expressão génica que permaneceu inalterada ao longo da evolução quando olhamos para órgãos equivalentes de espécies diferentes. “O grupo principal de genes que são expressos tende a ser semelhante entre as amostras analisadas”, clarifica Jörg. Os dados apontam ainda para outro padrão e mostram que o desenvolvimento de novos órgãos nas plantas

conseguiu-se principalmente através do reaproveitamento de genes pré-existentes. “Vimos que muitos grupos de genes apareceram muito antes do órgão correspondente, e isto diz-nos que surgiram através do reaproveitamento de material genético que já existia”, explica o investigador.

Uma vasta experiência no campo da reprodução sexual de plantas motivou a equipa a procurar também padrões ao nível do desenvolvimento dos gâmetas femininos e masculinos. “Estávamos interessados em comparar as primeiras plantas terrestres, que têm esperma natatório e precisam de água para a sua reprodução, com as plantas com esperma não-natatório, que está dentro do grão de pólen e não depende da água para a sua mobilidade”, revela Jörg. A equipa descobriu que a reprodução masculina parece ser mais especializada que a feminina, com os gâmetas masculinos a expressar mais genes únicos. Entre eles, fatores de transcrição (proteínas que regulam a expressão génica) e quinases (proteínas que transferem fosfato para outras proteínas), que podem ser importantes para a génese e funcionamento do pólen.

Há dez mil anos que fazemos das plantas a nossa maior fonte de alimento e materiais. Mas gerar estes recursos valiosos é cada vez mais difícil. A expansão da população humana, a competição pelo uso do solo e as alterações climáticas pressionam os rendimentos das colheitas, e o valor de qualquer passo dado para compreender o funcionamento das plantas é incalculável. “Conhecer os genes importantes para o desenvolvimento e função de um órgão específico dá-nos uma indicação de quais os genes a manipular para elevar a sua função. Estamos à procura daqueles que tornam o desenvolvimento do esperma e dos ovos mais resistente ao calor, por exemplo, e de formas de ultrapassar as barreiras de fertilização entre espécies diferentes de plantas para obter híbridos de qualidade superior”, conclui Jörg.

Este estudo foi desenvolvido no Instituto Gulbenkian de Ciência em colaboração com o consórcio EVOREPRO (Gregor Mendel Institute, Austria, University of Regensburg, Germany, University of Leicester, UK, University of Warwick, UK, MPI Molecular Plant Physiology, Germany, now Nanyang Technological University (Singapore) and Brown University, US). O financiamento foi obtido através do programa ERA-CAPS (FCT para JDB).

Original paper

Irene Julca et al. **Comparative transcriptomic analysis reveals conserved programs underpinning organogenesis and reproduction in land plants.** Nature Plants.

DOI: [10.1038/s41477-021-00958-2](https://doi.org/10.1038/s41477-021-00958-2)

Mais informação

Ana Morais

Comunicação Institucional

@: anamorais@igc.gulbenkian.pt

Contacto: +351 965 249 488