

Uma nova tese sobre o xiloglucano

Estudo do IB mostra que polissacarídeo pode ter surgido há mais tempo do que se imagina

MARIA ALICE DA CRUZ
halice@unicamp.br

O xiloglucano, o mais importante polissacarídeo da hemicelulose de parede celular das plantas terrestres, pode ter surgido há mais de 470 milhões de anos, ao contrário do que sustentavam algumas pesquisas anteriores. Genes essenciais para a síntese e degradação deste polímero ancestral foram encontrados num grupo de algas irmãs das plantas terrestres, chamadas carófitas, e podem ter sido uma das condições de pré-adaptação que levaram as plantas – e por consequência os animais – à conquista do ambiente terrestre. Esta, entre outras novas informações, colocou o trabalho de autoria do doutorando da Unicamp Luiz Eduardo Vieira Del Bem e do professor Michel Vincentz, do Instituto de Biologia (IB) da Unicamp, em segundo lugar no ranking dos artigos mais acessados do periódico eletrônico inglês *BMC Evolutionary Biology* em dezembro do ano passado. A visibilidade no periódico, na opinião de Del Bem, está associada ao interesse cada vez maior em bioenergia.

Del Bem explica que o grande desafio para o etanol de segunda geração, em estudo atualmente em vários lugares do mundo, é degradar polissacarídeos de parede celular, como o xiloglucano, transformando-os em monômeros livres de açúcar. A massa da parede celular, segundo o pesquisador, é composta majoritariamente de polissacarídeos, que são moléculas altamente energéticas, com aplicação na produção de bioetanol. “Minha dissertação de mestrado [que deu origem ao trabalho publi-



Foto: Antoninho Perri

Luiz Eduardo Vieira Del Bem, autor do trabalho: artigo foi o segundo mais acessado no periódico eletrônico inglês BMC Evolutionary Biology

cado] está relacionada à evolução da parede celular. E isso deve ter dado visibilidade ao artigo”, explica.

O trabalho resultou num compêndio de genes envolvidos na síntese e degradação do xiloglucano em várias espécies, oferecendo informações tanto sobre todas as enzimas codificadas por genomas de espécies de interesse puramente científico (básico), como *Arabidopsis*, quanto espécies de alto valor econômico como uva, sorgo, arroz e soja.

Para Del Bem, caracterizar as enzimas em genomas de plantas de interesse é o primeiro passo para qualquer modificação biotecnológica, pois a maior parte da bionergia que existe numa grama de planta seca está na parede celular, no entanto, os açúcares fermentáveis são monoméricos, como a glicose e a frutose, ou dímero, como a sacarose. Segundo o pesquisador, os polímeros da parede celular têm uma organização estrutural responsável por fazer com

que as leveduras que se alimentam de açúcares simples não consigam utilizar a energia presente nestas moléculas já que seu genoma não codifica para as enzimas necessárias para hidrolisar estes polímeros complexos. Se o ser humano, por exemplo, ingerir xiloglucano, não conseguirá aproveitar a energia que existe nele, pois não há no genoma humano enzimas que quebrem este polímero, segundo o pesquisador. “É possível, por exemplo, usar as enzimas identificadas nessas plantas para produzir leveduras transgênicas, que passam a ter a capacidade de clivar ligações químicas entre açúcares não-existent nas leveduras originais”, afirma.

Maquinaria molecular

Segundo Del Bem, os primeiros estudos com xiloglucano o consideravam exclusivo de plantas angiospermas (plantas com flores). Com o tempo, o polímero foi descoberto em plantas espermatófitas (com semente)

e, mais recentemente, foi identificado em todas as linhagens de plantas terrestres. Uma das informações inéditas para a literatura é a existência de uma maquinaria molecular relacionada ao xiloglucano nas algas carófitas. Esta característica molecular une algas carófitas e plantas terrestres, o que reforça a teoria de que as plantas terrestres seriam descendentes de um grupo de algas carófitas. “Uma única população de algas carófitas provavelmente deu origem a todas as plantas terrestres. Encontramos genes que as plantas terrestres têm em comum com algas carófitas, mas não encontramos, por exemplo, as mesmas enzimas em algas clorófitas, que são um grupo mais antigo de algas”, explica Del Bem.

A ideia de que o xiloglucano teria como função a sustentação mecânica da parede celular por meio da interação com as fibras de celulose, segundo o biólogo, foi desestabilizada por uma publicação recente, na qual se demonstrou que plantas transgênicas

de *Arabidopsis thaliana*, que não produzem xiloglucano detectável, têm estrutura e desenvolvimento praticamente normais, ao contrário do que seria esperado neste cenário. “Nosso trabalho ajuda a esclarecer este fato ao mostrar que na verdade as pressões evolutivas por trás do surgimento do xiloglucano estavam relacionadas à vida aquática e não à estrutura mecânica necessária à vida em terra firme.”

Publicações

Del Bem, Luiz Eduardo V.; Vincentz, Michel GA. “Evolution of xyloglucan-related genes in green plants”. *BMC Evolutionary Biology (Online)*, v. 10, p. 341, 2010.

Dissertação:

“Análise filogenética das enzimas hidrolíticas de Xiloglucano e construção de bibliotecas de cDNA de *Jatobá (Hymenaea courbaril)*”. Orientador: Michel Vincentz. Unidade: Instituto de Biologia (IB). Financiamento: Fapesp

Evolução ajuda a desvendar sistemas biológicos complexos

De acordo com Del Bem, nove funções enzimáticas realizadas por dez famílias de proteínas são responsáveis pelo sistema de síntese e degradação do xiloglucano em plantas terrestres.

A história evolutiva, traçada de trás para frente, ou seja, até chegar às carófitas, permitiu entender como tais famílias chegaram ao nível de complexidade existente hoje, dado o grande número de cópias gênicas de cada família nos diferentes genomas de plantas atuais. O objetivo foi conhecer a ancestralidade entre os genes de cada família, formulando um modelo de como cada gene ancestral deu origem aos genes atuais. “Cada uma dessas funções enzimáticas tem de ser entendida não como uma função desempenhada por um gene individual, mas como uma função compartilhada por muitos genes, no que chamamos de famílias multigênicas”, acrescenta.

Ele explica que as árvores filogenéticas traçadas a partir da identificação das sequências dos genes dessas plantas permitiram chegar a um modelo de como estas famílias de genes evoluíram. As sequências de aminoácidos de proteínas conhecidas por atuarem na síntese ou degradação do xiloglucano foram usadas como isca, dentro de algoritmos bioinformáticos, como os especialistas chamam, para identificar dentro dos diversos genomas completamente sequenciados o conjunto destes genes e

preencher lacunas que ainda existem em termos de genomas completos dentro de algumas linhagens de plantas, como as gymnospermas e as carófitas.

Para tanto, os pesquisadores utilizaram o que chamam de *Expressed Sequence Tags* ou ESTs (Sequências parciais de RNAs mensageiros). “Essas sequências de ESTs também nos ajudam a estimar o conteúdo gênico dessas espécies que não têm o genoma completamente sequenciado”, explica. Ele acrescenta que a organização dos genes em possíveis grupos de ortólogos (versões diferentes do mesmo gene para cada espécie) e parálogos (genes que se duplicaram exclusivamente em uma única linhagem) permite inferir quantos genes havia nas populações ancestrais que deram origem a cada grupo atual.

Numa linguagem mais acessível, Del Bem explica que as nove funções enzimáticas podem ser entendidas como ferramentas moleculares necessárias para montar e desmontar o xiloglucano, no entanto, um destes tipos de ferramenta é codificado por genes de duas famílias de origens evolutivas diferentes. Entre os diversos mecanismos de evolução está o que os cientistas chamam de evolução convergente. “Neste caso, temos dois tipos de alfa-fucosidase. Uma delas, mais antiga, e outra mais moderna. Trata-se de duas proteínas ancestrais diferentes (que não têm origem em) que

convergiram de forma a desempenhar o mesmo papel bioquímico.”

Enzima

Outros dados importantes para o sistema estudado dizem respeito à enzima XTH, surgida nas algas carófitas. Segundo o pesquisador, a enzima, que pertence à mais numerosa das famílias analisadas, hidrolisa a ligação entre glicoses da cadeia central (ligação beta 1-4) do xiloglucano. Ele acrescenta que em angiospermas, as XTH são codificadas por aproximadamente 30 genes diferentes em cada genoma. Este número de cópias foi atingido através de duplicação do gene ancestral das XTHs que existia na população ancestral comum às carófitas e plantas terrestres. A primeira duplicação deste gene ocorreu antes da separação entre as carófitas e a linhagem das plantas terrestres, gerando duas cópias, que por sua vez deram origem a todas as cópias deste gene presente nas atuais angiospermas. O processo de duplicação e manutenção, segundo Del Bem, é geralmente favorecido pela seleção natural porque um conjunto mais diverso de gene, mesmo que do ponto de vista bioquímico todos exerçam a mesma função, permite que a regulação da expressão gênica em cada cópia derive ao longo da evolução, fazendo com que cada cópia se torne especializada em um tipo de tecido ou situação fisiológica.

Estudo questiona design inteligente

Para Del Bem, o trabalho derruba a tese de que um sistema complexo não pode evoluir baseado em seleção natural através do acúmulo de complexidade ao longo do tempo. A ideia do design inteligente, em que criacionistas defendem que sistemas complexos só poderiam surgir completos, com todas as peças no lugar, alega que não haveria vantagem seletiva em possuir apenas parte desses sistemas. “Sistemas complexos onde são necessários vários elementos para possuir ou utilizar alguma coisa como xiloglucano, por exemplo, só teriam sentido se tivessem evoluído todos ao mesmo tempo. Ou você tem todas as peças ou nenhuma”, questiona.

Ele acrescenta que a ideia por trás da tese dos criacionistas seria que todos os sistemas complexos teriam surgido ao mesmo tempo, entretanto, o trabalho demonstra claramente que o sistema complexo por trás da síntese e degradação do xiloglucano surgiu baseado no acúmulo de complexidade gradual como é previsto na teoria neodarwiniana da evolução. A maquinaria enzimática ganhou complexidade ao longo da evolução pelo acréscimo de novas funções moleculares. “Esta é uma demonstração do caráter pseudocientífico da teoria do design inteligente”, explica.

Depois de encontrar todos os genes de interesse é que os pesquisadores reconstruíam computacionalmente a história dessas famílias baseados no que o pesquisador chama de alinhamento de sequências. “Seria uma forma matemática de encontrar as homologies moleculares entre as sequências de nucleotídeos ou aminoácidos”, esclarece. Uma vez obtido isso, é possível calcular através das diferenças entre elas, quais sequências são mais parecidas ou mais diferentes entre si. Este conjunto de diferenças encontradas é que permitem através do uso de métodos de inferência filogenética, reconstruir árvores que representam a evolução de uma família de genes.

Del Bem pontua que uma forma de verificar a validade científica do design inteligente é justamente fazer o que foi feito em sua pesquisa: tentar encontrar a origem de cada uma das peças moleculares de um sistema complexo. “Fazendo este tipo de coisa é simples perceber que a teoria da evolução neodarwiniana é perfeitamente capaz de explicar o surgimento de sistemas complexos. Porque, de fato, esses sistemas são formados pela incorporação e modificação de proteínas que participavam de outros processos anteriormente”, enfatiza.