

ANNELISE FRAZÃO NUNES

**BIOGEOGRAFIA E GENÔMICA COMPARATIVA DE PLASTOMAS DO CLADO
ADESMIA**

Relatório de Pós-doutorado realizado na
Universidade Estadual Paulista (UNESP),
Instituto de Biociências, Botucatu.

Supervisor(a): Prof. Dr. Ana Paula Fortuna
Perez

Botucatu

2025

1. Resumo

Neste relatório, apresenta-se uma análise preliminar dos plastomas disponíveis para a família Leguminosae no GenBank. Dos 514 registros iniciais, 367 plastomas únicos foram considerados após exclusão de duplicatas com mesmo tamanho. Foram analisados os dados por subfamílias (clados) e por gêneros, com foco na completude dos plastomas, variação de tamanho e distribuição taxonômica. A subfamília Papilionoideae concentra a maior parte dos plastomas (240), com destaque para os gêneros *Dalbergia*, *Glycine* e *Arachis*. Apenas 171 plastomas estão completos. Observa-se alta variação no tamanho dos plastomas, com destaque para *Hedysarum drobovii* (121.176 pb) e *Pithecellobium dulce* (179.483 pb). A análise fornece base para estudos comparativos sobre evolução plastidial, estrutura genômica e sistemática do grupo. Também são apontadas lacunas taxonômicas, como a ausência de dados para as subfamílias Dialioideae e Duparquetioideae. Sugere-se a realização de análises estatísticas comparativas entre clados e gêneros, além da incorporação de dados ecológicos e geográficos.

Palavras-chave: Leguminosae, plastoma, GenBank, Papilionoideae, variação genômica

2. Introdução

As Leguminosae (Fabaceae) constituem uma das maiores famílias de angiospermas, com aproximadamente 20.000 espécies distribuídas globalmente. Esta família desempenha papel ecológico e econômico central, com representantes usados na alimentação humana e animal, recuperação de solos e produção de fármacos. Em termos evolutivos, a diversidade morfológica e adaptativa das leguminosas as torna modelo para estudos comparativos, incluindo aqueles baseados em genomas organelares, como os plastomas.

O plastoma, ou genoma plastidial, é uma unidade genômica relativamente conservada em angiospermas, mas que pode apresentar variações estruturais e de tamanho em determinados grupos. Nas Leguminosae, variações no plastoma têm sido associadas a eventos de inversões, perdas e ganhos de genes, reorganizações estruturais e diferenças evolutivas entre subfamílias.

Com a crescente disponibilização de genomas completos em bases públicas como o GenBank, tornou-se possível realizar análises em larga escala com dados secundários. A compreensão da diversidade plastidial dentro das Leguminosae é fundamental para subsidiar estudos filogenéticos, biogeográficos e funcionais, além de contribuir para o entendimento da evolução da estrutura genômica em plantas.

Este relatório apresenta uma análise descritiva dos plastomas disponíveis para Leguminosae no GenBank, com foco na completude, distribuição por subfamília e gênero, variação de tamanho, e identificação de lacunas amostrais. Esta foi uma estratégia para iniciar os estudos sobre os plastomas do clado Adesmia, os quais são totalmente desconhecidos. Além da avaliação inicial, são sugeridos próximos passos para aprofundamento das análises, incluindo abordagem estatística e integração com dados ecológicos e evolutivos.

3. Metodologia

A análise baseou-se em levantamento de dados de plastomas de Leguminosae disponíveis na base de dados GenBank até junho de 2024. A triagem inicial resultou em 514 registros de plastomas, dos quais 367 foram considerados únicos após exclusão de duplicatas com mesmo tamanho de sequência.

Os dados foram organizados em planilha Excel, contendo informações sobre espécie, status de completude (completo ou parcial), tamanho do plastoma, clado e gênero. Os plastomas foram agrupados por subfamília conforme a classificação disponível no *Legume Data Portal* (<https://www.legumedata.org/>). Todos os gráficos e avaliação dos dados foram realizados utilizando o pacote 'ggplot2' com a linguagem R, no R studio.

4. Resultados encontrados

A base de dados resultante contém 367 plastomas únicos de Leguminosae, dos quais apenas 171 (cerca de 47%) são completos (Tabela 1–2; Figura 1). A subfamília com maior número de plastoma é Papilionoideae e o com menos é Detarioideae (Tabela 1–2; Figura 1).

Tabela 1: Número de plastomas sequenciados para Leguminosae até junho de 2024. Caesalpinioideae-Mim. = Caesalpinioideae, do antigo grupo Mimosoideae.

clado	N plastomas*	N gêneros	completo	parcial
Caesalpinioideae	10	4	8	2
Caesalpinioideae-Mim.	106	13	11	95
Cercidoideae	9	4	9	0
Detarioideae	2	2	2	0
Papilionoideae	240	63	230	10
TOTAL	367	86	260	107

*Número total de plastomas excluindo as espécies que tinham mais do que um plastoma sequenciado e como mesmo tamanho

Tabela 2: Tamanhos dos platomas para as subfamílias de Leguminosae. Caesalpinioideae-Mim. = Caesalpinioideae, do antigo grupo Mimosoideae.

Clado	Média	Mediana	Desvio Padrao	Mínimo	Máximo	Contagem
Caesalpinioideae	161717,2	162575	1836,8	158664	164009	10
Caesalpinioideae-Mim.	173917,9	174873,5	3789,5	158986	179483	106
Cercidoideae	156677,5	156967	2273,9	151705	159181	9
Detarioideae	159579	159579	599,6	159155	160003	2
Papilionoideae	146401,9	152218	14136,1	121176	175760	240

A subfamília Papilionoideae destaca-se pela expressiva representatividade e diversidade de gêneros com dados disponíveis (Tabela 2; Figura 1). Alguns gêneros com maior número de plastomas são: *Dalbergia* (27), *Glycine* (17), *Arachis* (14), *Astragalus* (11) e *Ormosia* (12) (Figura 2–3). A análise dos tamanhos dos plastomas revela ampla variação, com valores que vão de 121.176 pb (*Hedysarum drobovii*, Papilionoideae) a 179.483 pb (*Pithecellobium dulce*, Mimosoideae) (Tabela 2; Figura 1–2). Dentro dos gêneros, nota-se também variação significativa (Figura 2–3). Os dados sugerem a existência de blocos de tamanhos distintos de plastomas dentro de Papilionoideae,

com um grupo menor (121.000–132.000 pb), um grupo intermediário (143.000–160.000 pb), e um grupo com plastomas maiores (*Ormosia*, até 175.000 pb) (Figura 3).

Em “Mimosoideae”, os plastomas se agrupam em dois blocos distintos: um entre 158.000–165.000 pb e outro entre 172.000–179.000 pb. Isso pode indicar eventos de expansão genômica ou duplicações em alguns grupos (Figura 2). Os gêneros *Acacia*, *Albizia* e *Mimosa* concentram grande parte dos plastomas mimosóides, sendo *Acacia* especialmente representativo com 93 registros, embora parte dessa diversidade reflita mudanças taxonômicas recentes, que segregaram *Acacia* em novos gêneros.

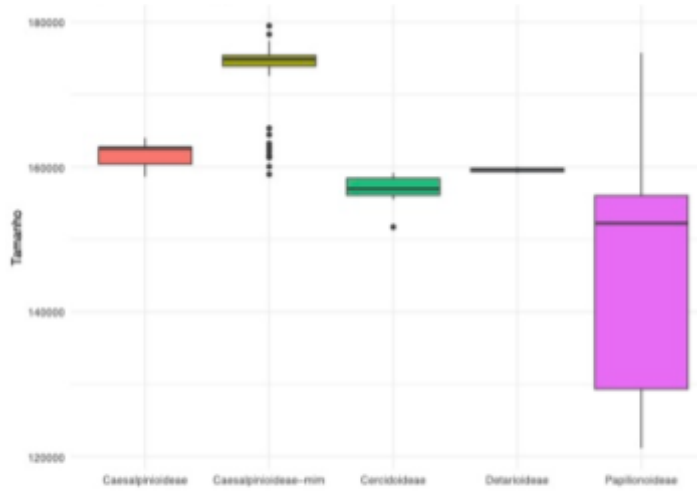


Figura 1: Boxplots com a variação dos tamanhos do plastomas de Leguminosae, por subfamília.

As subfamílias Dialioideae e Duparquetioideae, assim como o clado Adesmia, foco principal deste projeto não possuem plastomas disponíveis no GenBank até o momento, representando importantes lacunas taxonômicas para estudo.

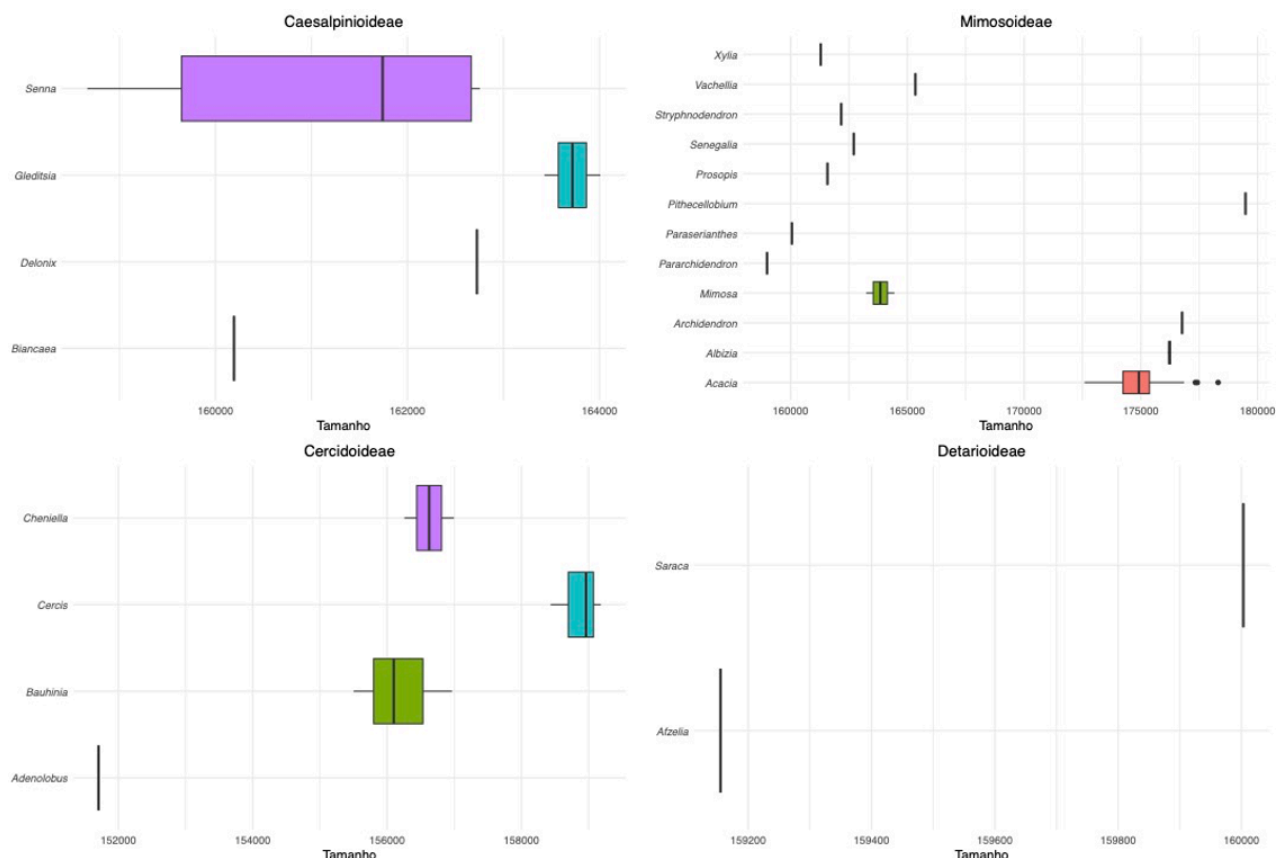


Figura 2: Boxplots das variações de tamanho dos plastomas, em nível de gênero e clados, disponíveis no Genbank.

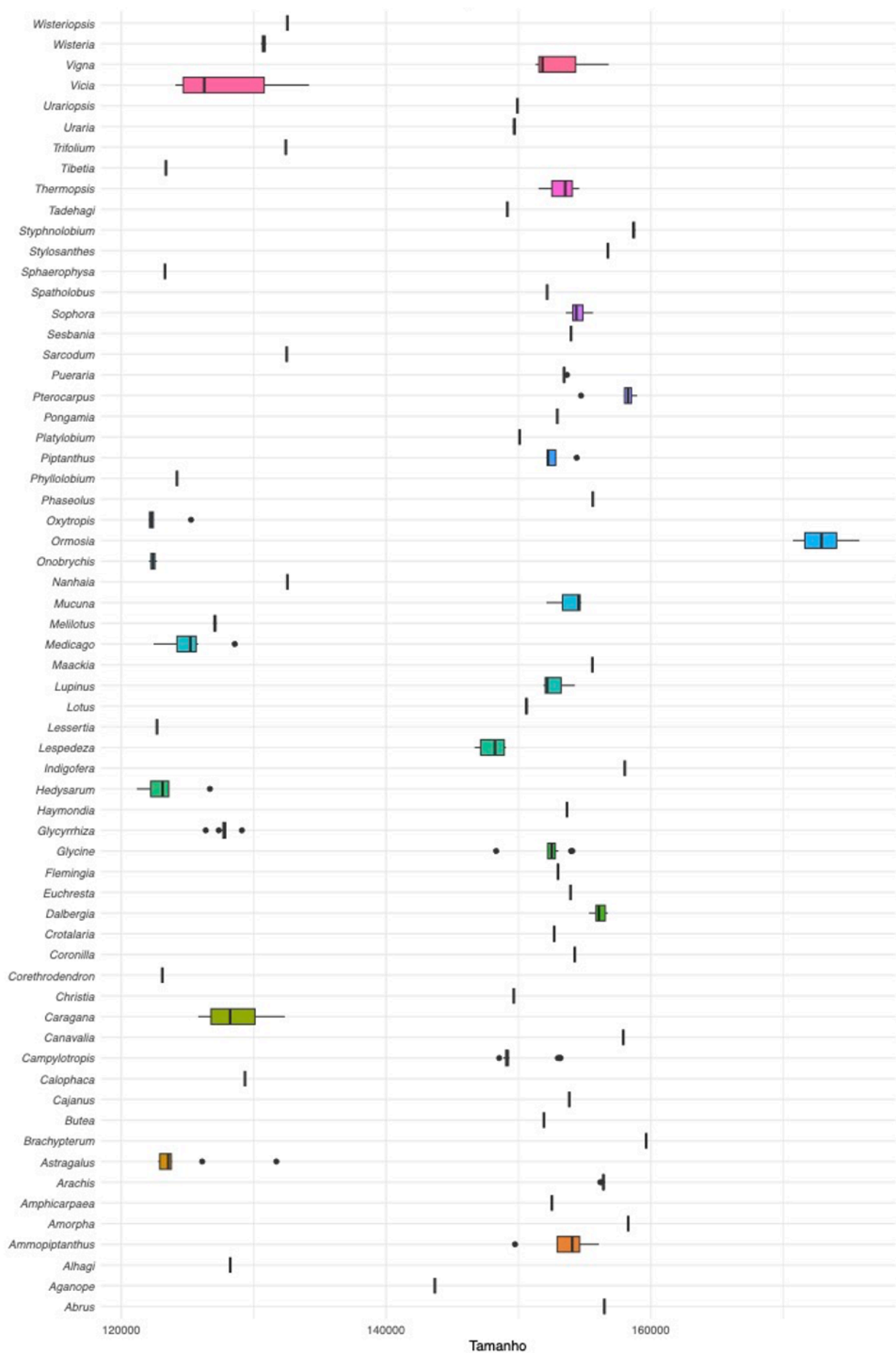


Figura 3: Boxplots das variações de tamanho dos plastomas, em nível de gênero de Papilionoideae, disponíveis no Genbank.

5. Conclusão

A análise preliminar dos plastomas de Leguminosae revela um panorama desigual de representatividade entre os clados, com Papilionoideae sendo amplamente dominante. A variação de tamanho dos plastomas é significativa e aponta para possíveis diferenças estruturais e evolutivas entre subfamílias e gêneros. A presença de múltiplos plastomas por espécie, embora ainda limitada, oferece perspectivas para estudos populacionais e de variação intraespecífica. Os dados compilados até aqui constituem uma primeira base sólida sobre uma visão geral sobre os genomas dos cloroplastos da família.

6. Próximos passos

Com base nos resultados obtidos, os seguintes passos são recomendados:

- 1. Incorporação de dados ecológicos e geográficos:** Levantar o hábito (arbóreo, arbustivo, herbáceo, etc.) e distribuição geográfica das espécies com plastomas disponíveis para verificar padrões ecológicos associados à variação genômica.
- 2. Análises estatísticas formais:** Aplicar testes de comparação entre médias de tamanho de plastoma entre gêneros e subfamílias no software R, utilizando ANOVA ou testes não paramétricos, conforme a distribuição dos dados.
- 3. Análise de agrupamento/clustering:** Avaliar se há agrupamentos de plastomas por tamanho que possam refletir agrupamentos taxonômicos ou funcionais.
- 4. Verificação de hierarquias internas:** Investigar se há padrões estruturais dentro dos grandes clados já definidos, como subclados ou linhagens específicas com plastomas significativamente maiores ou menores.
- 5. Atualização taxonômica:** Revisar a classificação atual de *Acacia* e seus gêneros segregados, de modo a garantir consistência nas análises filogenéticas e de tamanho dos plastomas.
- 6. Geração de novos dados:** Sequenciar e analisar os plastomas de representantes das subfamílias Dialioideae e Duparquetioideae, assim como do clado Adesmia.

Essas etapas permitirão maior aprofundamento e compreensão da evolução do genoma plastidial em Leguminosae, contribuindo para a sistemática, conservação e biogeografia do grupo.

7. Referências

Cardoso, D., Pennington, R. T., de Queiroz, L. P., Boatwright, J. S., Van Wyk, B. E., Wojciechowski, M. F., & Lavin, M. (2013). Reconstructing the deep-branching relationships of the papilionoid legumes. *South African Journal of Botany*, 89, 58-75.

Doyle, J. J., & Doyle, J. L. (1993). Chloroplast DNA variation and systematics of legumes. In: *Advances in Legume Systematics, Part 5: The Nitrogen Factor*.

GenBank. (2024). National Center for Biotechnology Information (NCBI). Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>

LPWG – Legume Phylogeny Working Group. (2017). A new subfamily classification of the Leguminosae based on a taxonomically comprehensive phylogeny. *Taxon*, 66(1), 44–77.