



Benedito Rodrigues da Silva Neto
(Organizador)

Inventário de Recursos Genéticos



Atena
Editora
Ano 2019

Benedito Rodrigues da Silva Neto
(Organizador)

Inventário de Recursos Genéticos

Atena Editora
2019

2019 by Atena Editora
Copyright © Atena Editora
Copyright do Texto © 2019 Os Autores
Copyright da Edição © 2019 Atena Editora
Editora Executiva: Prof^a Dr^a Antonella Carvalho de Oliveira
Diagramação: Natália Sandrini
Edição de Arte: Lorena Prestes
Revisão: Os Autores

O conteúdo dos artigos e seus dados em sua forma, correção e confiabilidade são de responsabilidade exclusiva dos autores. Permitido o download da obra e o compartilhamento desde que sejam atribuídos créditos aos autores, mas sem a possibilidade de alterá-la de nenhuma forma ou utilizá-la para fins comerciais.

Conselho Editorial

Ciências Humanas e Sociais Aplicadas

Prof. Dr. Álvaro Augusto de Borba Barreto – Universidade Federal de Pelotas
Prof. Dr. Antonio Carlos Frasson – Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Prof. Dr. Antonio Isidro-Filho – Universidade de Brasília
Prof. Dr. Constantino Ribeiro de Oliveira Junior – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Prof^a Dr^a Cristina Gaio – Universidade de Lisboa
Prof. Dr. Deyvison de Lima Oliveira – Universidade Federal de Rondônia
Prof. Dr. Gilmei Fleck – Universidade Estadual do Oeste do Paraná
Prof^a Dr^a Ivone Goulart Lopes – Istituto Internazionele delle Figlie de Maria Ausiliatrice
Prof. Dr. Julio Candido de Meirelles Junior – Universidade Federal Fluminense
Prof^a Dr^a Lina Maria Gonçalves – Universidade Federal do Tocantins
Prof^a Dr^a Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Prof^a Dr^a Paola Andressa Scortegagna – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Prof. Dr. Urandi João Rodrigues Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará
Prof^a Dr^a Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande
Prof. Dr. Willian Douglas Guilherme – Universidade Federal do Tocantins

Ciências Agrárias e Multidisciplinar

Prof. Dr. Alan Mario Zuffo – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul
Prof. Dr. Alexandre Igor Azevedo Pereira – Instituto Federal Goiano
Prof^a Dr^a Daiane Garabeli Trojan – Universidade Norte do Paraná
Prof. Dr. Darllan Collins da Cunha e Silva – Universidade Estadual Paulista
Prof. Dr. Fábio Steiner – Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul
Prof^a Dr^a Girlene Santos de Souza – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia
Prof. Dr. Jorge González Aguilera – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul
Prof. Dr. Ronilson Freitas de Souza – Universidade do Estado do Pará
Prof. Dr. Valdemar Antonio Paffaro Junior – Universidade Federal de Alfenas

Ciências Biológicas e da Saúde

Prof. Dr. Benedito Rodrigues da Silva Neto – Universidade Federal de Goiás
Prof.^a Dr.^a Elane Schwinden Prudêncio – Universidade Federal de Santa Catarina
Prof. Dr. Gianfábio Pimentel Franco – Universidade Federal de Santa Maria
Prof. Dr. José Max Barbosa de Oliveira Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará

Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Profª Drª Raissa Rachel Salustriano da Silva Matos – Universidade Federal do Maranhão
Profª Drª Vanessa Lima Gonçalves – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Profª Drª Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande

Ciências Exatas e da Terra e Engenharias

Prof. Dr. Adélio Alcino Sampaio Castro Machado – Universidade do Porto
Prof. Dr. Eloi Rufato Junior – Universidade Tecnológica Federal do Paraná
Prof. Dr. Fabrício Menezes Ramos – Instituto Federal do Pará
Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte
Prof. Dr. Takeshy Tachizawa – Faculdade de Campo Limpo Paulista

Conselho Técnico Científico

Prof. Msc. Abrãao Carvalho Nogueira – Universidade Federal do Espírito Santo
Prof. Dr. Adaylson Wagner Sousa de Vasconcelos – Ordem dos Advogados do Brasil/Seccional Paraíba
Prof. Msc. André Flávio Gonçalves Silva – Universidade Federal do Maranhão
Prof.ª Drª Andreza Lopes – Instituto de Pesquisa e Desenvolvimento Acadêmico
Prof. Msc. Carlos Antônio dos Santos – Universidade Federal Rural do Rio de Janeiro
Prof. Msc. Daniel da Silva Miranda – Universidade Federal do Pará
Prof. Msc. Eliel Constantino da Silva – Universidade Estadual Paulista
Prof.ª Msc. Jaqueline Oliveira Rezende – Universidade Federal de Uberlândia
Prof. Msc. Leonardo Tullio – Universidade Estadual de Ponta Grossa
Prof.ª Msc. Renata Luciane Polsaque Young Blood – UniSecal
Prof. Dr. Welleson Feitosa Gazel – Universidade Paulista

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP) (eDOC BRASIL, Belo Horizonte/MG)	
162	<p>Inventário de recursos genéticos [recurso eletrônico] / Organizador Benedito Rodrigues da Silva Neto. – Ponta Grossa, PR: Atena Editora, 2019.</p> <p>Formato: PDF Requisitos de sistema: Adobe Acrobat Reader Modo de acesso World Wide Web Inclui bibliografia ISBN 978-85-7247-486-3 DOI 10.22533/at.ed.863191807</p> <p>1. Evolução humana. 2. Genética da população humana. I. Silva Neto, Benedito Rodrigues da.</p> <p style="text-align: right;">CDD 575.1</p>
Elaborado por Maurício Amormino Júnior – CRB6/2422	

Atena Editora
Ponta Grossa – Paraná - Brasil
www.atenaeditora.com.br
contato@atenaeditora.com.br

APRESENTAÇÃO

O termo “genética” nos últimos anos ganhou uma conotação cada vez mais importante e acessível à população. Podemos dizer que a genética saiu da rotina laboratorial e da sala de aula para adentrar as casas da população, seja por informação ou na forma de produto. Isso porque a revolução tecnológica contribuiu grandemente com o avanço no campo da pesquisa básica e aplicada à genética, e as descobertas propiciadas por tecnologias mais apuradas possibilitaram um entendimento mais amplo desta importante área.

A genética como sabemos possui um campo vasto de aplicabilidades que podem colaborar e cooperar grandemente com os avanços científicos e tecnológicos. O acelerado mundo das descobertas científicas caminha a passos largos e rápidos no sentido de transformar a pesquisa básica em aplicada, portanto é relevante destacar que investimentos e esforços nessa área contribuem grandemente com o desenvolvimento de uma nação.

O livro “Inventários e Recursos Genéticos” aqui apresentado, aborda assuntos relativos aos avanços e dados científicos publicados de cunho voltado para a utilização dos recursos genéticos disponíveis na área ambiental, microbiológica dentre outras diversas que cientistas tem gastado esforços para compreender. Assim, são diversas as possibilidades de aplicações genéticas em diversos campos, neste livro tentaremos otimizar os conceitos dos recursos genéticos abordando plantas medicinais, segurança alimentar, sanidade animal, microrganismos patogênicos, identificação molecular, caracterização morfoagronômica, Banco de DNA, metabólitos secundários, melhoramento genético, análise multivariada, bioinformática, expressão de genes, viabilidade polínica, Germoplasma, recursos genéticos, cultivares, Qualidade de sementes; seleção de plantas; melhoramento genético da mamoneira, simulações em Easypop, fluxo gênico, fragmentação florestal, análise de diversidade genética de Nei, Coeficientes de endogamia, demonstrando ferramentas genéticas e moleculares usadas em diferentes estudos que estão diretamente relacionados ao dia-a-dia da população.

Desejamos que este material possa somar de maneira significativa aos novos conceitos aplicados à genética. Parabenizamos cada autor pela teoria bem fundamentada aliada à resultados promissores, e principalmente à Atena Editora por permitir que o conhecimento seja difundido e disponibilizado para que as novas gerações se interessem cada vez mais pelo ensino e pesquisa em genética.

Benedito Rodrigues da Silva Neto

SUMÁRIO

CAPÍTULO 1	1
CARACTERIZAÇÃO CITOGENÉTICA EM GENÓTIPOS DE TRIGO: PRESENÇA DE MICRONÚCLEOS E VIABILIDADE POLÍNICA	
Sandra Patussi Brammer Patrícia Frizon Elizandra Andréia Urio	
DOI 10.22533/at.ed.8631918071	
CAPÍTULO 2	13
CARACTERIZAÇÃO E AVALIAÇÃO MORFOLÓGICA DA PARTE AÉREA DE ACESSOS DE <i>Psychotria ipecacuanha</i> (IPECA)	
Raphael Lobato Prado Neves Osmar Alves Lameira Ana Paula Ribeiro Medeiros Helaine Cristine Gonçalves Pires Mariana Gomes de Oliveira Carolina Mesquita Germano Fábio Miranda Leão	
DOI 10.22533/at.ed.8631918072	
CAPÍTULO 3	25
CARACTERIZAÇÃO FENOTÍPICA DE <i>Staphylococcus aureus</i> E <i>Escherichia coli</i> ISOLADOS EM MEIOS CROMOGÊNICOS ORIUNDOS DE LEITE DE VACAS COM MASTITE SUBCLÍNICA	
Clarissa Varajão Cardoso Eunice Ventura Barbosa Alcir das Graças Paes Ribeiro Rossiane de Moura Souza Helena Magalhães Helena Carla Castro Maíra Halfen Teixeira Liberal	
DOI 10.22533/at.ed.8631918073	
CAPÍTULO 4	38
CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR DE MICRORGANISMOS ASSOCIADOS À PRODUÇÃO DE COMPOSTOS VOLÁTEIS	
Mariely Cristine dos Santos Juliana Vitória Messias Bittencourt Mariana Machado Fidelis Nascimento Luciano Medina-Macedo	
DOI 10.22533/at.ed.8631918074	
CAPÍTULO 5	47
CARACTERIZAÇÃO PRELIMINAR DE UMA POPULAÇÃO NATURAL DE <i>Physalis angulata</i> L. EM TERESINA-PI VISANDO A SELEÇÃO DE GENÓTIPOS SUPERIORES	
Hortência Kardec da Silva	
DOI 10.22533/at.ed.8631918075	

CAPÍTULO 6 53

COLEÇÕES DE PLANTAS ALIMENTÍCIAS NÃO CONVENCIONAIS NA UNIVERSIDADE FEDERAL DA BAHIA

Thiago Serravalle de Sá
Carolina Santos Pinho
Maíra Miele Oliveira Rodrigues de Souza
Suzelir Souza Nascimento
Adrielle Matos de Jesus
Izabela Santos Dias de Jesus
Jozimare dos Santos Pereira
Maria Luiza Silveira de Carvalho
Alessandra Selbach Schnadelbach
José Geraldo de Aquino Assis

DOI 10.22533/at.ed.8631918076

CAPÍTULO 7 66

COMPARAÇÃO DE TEMPO E CUSTOS DE PROTOCOLOS DE EXTRAÇÃO DE DNA DE PLANTAS DO CERRADO: SUBSÍDIO PARA CONSERVAÇÃO DA BIODIVERSIDADE DO BIOMA

Diego Cerveira de Souza
Terezinha Aparecida Teixeira
Carla Ferreira de Lima
Vanessa Aparecida Caetano Alves

DOI 10.22533/at.ed.8631918077

CAPÍTULO 8 76

CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE CARACTERES VEGETATIVOS E REPRODUTIVOS DE PIMENTEIRAS (*Capsicum* spp.)

Joanderson Marques Silva
Allana Tereza Mesquita de Lima
Alaide Silva de castro
Ivanayra da Silva Mendes
Larissa Pinheiro Alves
Mayara Cardoso Araújo Lima
Ramile Vieira de Oliveira
Raquel Sobral da Silva
Jardel Oliveira Santos

DOI 10.22533/at.ed.8631918078

CAPÍTULO 9 84

DESEMPENHO AGRONÔMICO E SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MAMONEIRA PARA ALTA PRODUTIVIDADE

Sebastião Soares de Oliveira Neto
Odila Friss Ebertz
Maria Márcia Pereira Sartori
Maurício Dutra Zanotto

DOI 10.22533/at.ed.8631918079

CAPÍTULO 10 93

DIVERSIDADE FENOTÍPICA DE SUBAMOSTRAS DE PIMENTEIRAS (*Capsicum* spp.)
CONSERVADAS EX SITU NO MARANHÃO

Joanderson Marques Silva
Ivanayra da Silva Mendes
Gabriela Nunes da Piedade
Raquel Sobral da Silva
Alaide Silva de Castro
Allana Tereza Mesquita de Lima
Larissa Pinheiro Alves
Mayara Cardoso Araújo Lima
Ramile Vieira de Oliveira
Jardel Oliveira Santos

DOI 10.22533/at.ed.86319180710

CAPÍTULO 11 106

DIVERSIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS DO BANCO DE GERMOPLASMA DE MACIEIRA DA
EPAGRI

Filipe Schmidt Schuh
Pedro Soares Vidigal Filho
Marcus Vinicius Kvistchal
Gentil Carneiro Gabardo
Danielle Caroline Manenti
Giseli Valentini

DOI 10.22533/at.ed.86319180711

CAPÍTULO 12 118

DOF: FATOR DE TRANSCRIÇÃO IMPORTANTE EM PLANTAS DE INTERESSE AGRONÔMICO

Tiago Benedito dos Santos
Sílvia Graciele Hulse de Souza

DOI 10.22533/at.ed.86319180712

CAPÍTULO 13 130

FENOLOGIA REPRODUTIVA DE *Quassia amara* L. (SIMAROUBACEAE)

Ana Paula Ribeiro Medeiros
Osmar Alves Lameira
Raphael Lobato Prado Neves
Carolina Mesquita Germano
Helaine Cristine Gonçalves Pires
Fábio Miranda Leão
Mariana Gomes de Oliveira

DOI 10.22533/at.ed.86319180713

CAPÍTULO 14 138

IDENTIFICAÇÃO MOLECULAR DE ESPÉCIES DO GÊNERO RHINELLA (BUFONIDAE) DE
OCORRÊNCIA NOS BIOMAS DO MEIO NORTE DO BRASIL

Sulamita Pereira Guimarães
Aryel Moraes de Queiroz
Elmary da Costa Fraga
Maria Claudene Barros

DOI 10.22533/at.ed.86319180714

CAPÍTULO 15 148

INCIDÊNCIA DE ESPINHA BÍFIDA NO ESTADO DO MARANHÃO, PRÉ- E PÓS-FORTIFICAÇÃO DE FARINHAS COM ÁCIDO FÓLICO

Rômulo Cesar Rezzo Pires
Vanalda Costa Silva
Beatriz Fernanda Santos da Silva

DOI 10.22533/at.ed.86319180715

CAPÍTULO 16 155

MARCADORES MOLECULARES CONFIRMAM A OCORRÊNCIA DA OSTRA *Crassostrea rhizophorae* (GUILDING, 1828) NO LITORAL MARANHENSE

Rodolf Gabriel Prazeres Silva Lopes
Ícaro Gomes Antônio
Lígia Tchaika
Maria Claudene Barros
Elmary da Costa Fraga

DOI 10.22533/at.ed.86319180716

CAPÍTULO 17 167

PADRÕES PARA O CULTIVO DE HORTALIÇAS EM ESPAÇOS RESIDENCIAIS NO INTERIOR DO MARANHÃO

Alaide Silva de castro
Larissa Pinheiro Alves
Mayara Cardoso Araújo Lima
Ramile Vieira de Oliveira
Allana Tereza Mesquita de Lima
Ivanayra da Silva Mendes
Gabriela Nunes da Piedade
Joanderson Marques Silva
Raquel Sobral da Silva
Jardel Oliveira Santos

DOI 10.22533/at.ed.86319180717

CAPÍTULO 18 174

RECEPTIVIDADE ESTIGMÁTICA, VIABILIDADE E GERMINAÇÃO *IN VITRO* DO PÓLEN DA ESPÉCIE *Delonix regia* (Bojerex Hook.) Raf. NA UNIVERSIDADE ESTADUAL DE FEIRA DE SANTANA – UEFS

Hortência Kardec da Silva
Jéssica Barros Andrade
Joseane Inácio da Silva Moraes
Katiane Oliveira Porto

DOI 10.22533/at.ed.86319180718

CAPÍTULO 19 185

RECURSOS GENÉTICOS DE VIDEIRA NO SEMIÁRIDO BRASILEIRO

Patrícia Coelho de Souza Leão

DOI 10.22533/at.ed.86319180719

CAPÍTULO 20	194
SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE MAMONEIRA PARA ALTA QUALIDADE FISIOLÓGICA DE SEMENTES	
Sebastião Soares de Oliveira Neto	
Odila Friss Ebertz	
Larissa Chamma	
Maria Márcia Pereira Sartori	
Maurício Dutra Zanotto	
DOI 10.22533/at.ed.86319180720	
CAPÍTULO 21	204
USO DE DADOS DE MARCADORES MOLECULARES EM SIMULAÇÕES PARA A CONSERVAÇÃO DE FRAGMENTOS DE LUEHEA DIVARICATA MART. & ZUCC. NO BIOMA PAMPA	
Caetano Miguel Lemos Serrote	
Lia Rejane Silveira Reiniger	
Valdir Marcos Stefenon	
Aline Ritter Curti	
Leonardo Severo Da Costa	
Aline Ferreira Paim	
DOI 10.22533/at.ed.86319180721	
CAPÍTULO 22	226
USO DE DADOS GENÔMICOS COMO INDICADORES DE IDENTIDADE E QUALIDADE NA GESTÃO DE COLEÇÕES MICROBIOLÓGICAS	
Luciana de Almeida	
Mariely Cristine dos Santos	
Mariana Machado Fidelis Nascimento	
Luciano Medina-Macedo	
Juliana Vitória Messias Bittencourt	
DOI 10.22533/at.ed.86319180722	
CAPÍTULO 23	233
VARIABILIDADE GENÉTICA ENTRE ACESSOS ESPONTÂNEOS DE MAMONEIRA COLETADOS EM DIFERENTES REGIÕES BRASILEIRAS	
Sebastião Soares de Oliveira Neto	
Odila Friss Ebertz	
Maria Márcia Pereira Sartori	
Maurício Dutra Zanotto	
DOI 10.22533/at.ed.86319180723	
SOBRE O ORGANIZADOR	244
ÍNDICE REMISSIVO	245

DOF: FATOR DE TRANSCRIÇÃO IMPORTANTE EM PLANTAS DE INTERESSE AGRONÔMICO

Tiago Benedito dos Santos

Universidade do Oeste Paulista (UNOESTE),
Departamento de Agronomia e Pós-graduação em
Agronomia, Presidente Prudente, São Paulo.

Silvia Graciele Hulse de Souza

Universidade Paranaense (UNIPAR),
Departamento de Engenharia Agronômica e
Pós-graduação em Biotecnologia Aplicada à
Agricultura, Umuarama, Paraná.

RESUMO: Brevemente neste capítulo iremos abordar e relatar os aspectos gerais sobre as múltiplas funções desempenhadas pelo fator de transcrição do Dof. A exploração dessas informações pode auxiliar novos estudos na caracterização funcional de genes Dof em culturas de grande importância no agronegócio.

PALAVRAS-CHAVE: Dof (DNA-binding with One Zinc Finger), Bioinformática, Expressão de genes, estresse biótico e abiótico.

DOF: TRANSCRIPTION FACTOR

IMPORTANT IN PLANTS OF AGRONOMIC INTEREST

ABSTRACT: Briefly in this chapter we will discuss and report the general aspects about the multiple functions performed by the Dof transcription factor. The exploration of this

information may support new studies on the functional characterization of Dof genes in crops of great importance in agribusiness.

KEYWORDS: Dof (DNA-binding with One Zinc Finger), Bioinformatics, Gene expression, biotic and abiotic stress.

1 | INTRODUÇÃO

Em suma, os fatores de transcrição (FTs) correspondem a uma classe de proteínas, que controlam e regulam muitos dos processos biológicos. Inúmeros fatores de transcrição foram identificados em monocotiledôneas e dicotiledôneas. Alguns FTs são específicos para as plantas, como por exemplo a família de FT Dof. A família Dof (do inglês, *DNA-binding with One Finger*) compreende um grupo de FT específicos de plantas que desempenham papéis importantes em seu crescimento e desenvolvimento. Nos últimos anos o foco de muitos estudos está direcionado na identificação e catalogação de novos genes por meio das tecnologias de sequenciamento de nova geração (NGS do inglês, *Next-Generation Sequencing*). Incontáveis estudos revelam uma imensa oportunidade de analisar os mais distintos genomas de plantas. Não obstante, também através da utilização de inúmeras ferramentas *in silico* publicamente disponíveis

têm auxiliando os estudos relacionados com a estrutura gênica e funcionais dos FTs Dof. A diversidade do número de número de genes da família de FT Dof, juntamente com as análises de *in silico*, investigação de sua estrutura, organização cromossômica, relações evolutivas e perfis de expressão em diferentes tecidos é revisada à luz de sua importância na biotecnologia de plantas para a melhoria das culturas. Até o presente momento, a maior parte das pesquisas sobre as funções dos genes *Dof* foram direcionadas em plantas modelo como *Arabidopsis thaliana*, sendo limitado os estudos em plantas de interesse agrônômico. Neste capítulo, conduziremos uma discussão sobre as principais características da família dos fatores de transcrição Dof.

2 | ESTRUTURA MOLECULAR DAS PROTEÍNAS DA FAMÍLIA DOF

Estruturalmente, um típico FT de plantas é composto por domínio de ligação ao DNA, sítio de oligomerização, domínio de regulação da transcrição e um sinal de localização nuclear, respectivamente. Alguns FTs são específicos para as plantas, e agrupados em famílias de acordo com seu domínio de ligação ao DNA, como as proteínas de domínio Dof. Dof é considerada uma classe particular de domínio de ligação ao DNA do tipo dedo de zinco, os quais podem atuar como ativadores da transcrição gênica, além de estarem envolvidos em diversos processos biológicos (Yanagisawa, 2004; Wei et al., 2010; Noguerro et al., 2013; Gupta et al., 2015). FTs Dof são proteínas que apresentam um tamanho de aproximadamente de 200 a 400 resíduos de aminoácidos (revisado por Yanagisawa, 2016). Os Dofs estão presentes e são amplamente conservados em todo reino vegetal, representando uma classe única de FT por possuírem atividades de ligação bifuncionais (Gupta et al., 2015). De acordo com a figura 1, o domínio específico do Dof está localizado próximo da região N-terminal da proteína.

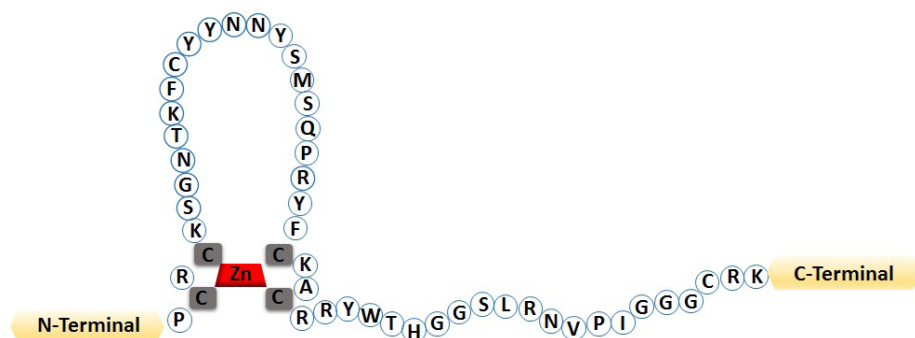


Figura 1. Representação do domínio Dof de ligação ao DNA. A estrutura Dof é formada a partir de quatro resíduos de cisteína (CX₂CX₂₁CX₂C) que se ligam, posteriormente a um átomo de zinco (Zn²⁺) formando uma estrutura semelhante a um dedo de zinco (Dof). Figura revisada de Gupta et al. (2015) e adaptada de Garcia et al. (2018).

O domínio conservado está localizado em uma região altamente conservada

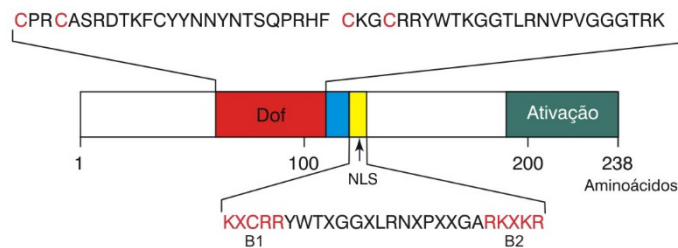


Figura 3. Esquema do *ZmDof 1* como um exemplo da estrutura do domínio da proteína Dof. O domínio Dof, um sinal de localização nuclear (NLS) e o domínio de ativação transcricional são indicados em vermelho, amarelo e verde, respectivamente. Um trecho de serina é indicado em azul. Os resíduos de cisteína para coordenação putativa do zinco são mostrados em letras vermelhas na sequência de aminoácidos do domínio Dof. As sequências de consenso do NLS bipartido (regiões básicas B1 e B2 em letras vermelhas) são baseadas em Krebs et al. (2010). (Figura adaptada de Yanagisawa, 2002 e Le Hir & Bellini, 2013).

Há relatos na literatura sugerindo que o domínio Dof também pode interagir com outros membros de famílias TFs, tais como: WRKY, MYB e bZIP (Vicente Carbajosa et al., 1997; Diaz et al., 2005; Zou et al., 2008; Wei et al., 2010). Em *A. thaliana* (OBP1) foi a primeira interação proteína-proteína a ser descrita contendo domínio Dof. Também é relatado a interação com os FTs bZIP de *Arabidopsis* (OBF4 e OBF5), onde essa interação é mediada pelo domínio Dof da OBP1 (Zhang et al., 1995).

É importante informarmos que de acordo com a similaridade apresentada entre as sequências Dof, elas podem ser organizadas em quatro grupos ou subfamílias (A, B, C e D), e os grupos B, C e D podem ser subdivididos em subgrupos (Lijavetzky et al., 2003; Ma et al., 2015; Feng et al., 2016; Wen et al., 2016). Modelo de classificação mais requerido entre os pesquisadores. Por exemplo, em *Arabidopsis* e *O. sativa* com base nas análises filogenéticas as sequências dos genes ortólogos foram previamente divididas em quatro subfamílias e 10 grupos denominados A, B1, B2, C1, C2.1, C2.2, C3, D1, D2 e D3 (Lijavetzky et al., 2003). Neste estudo ficou evidenciado a perda de genes e possíveis eventos de duplicação. Em *C. canephora* as proteínas Dof foram agrupadas em quatro grupos principais (A, B, C e D) e oito subgrupos: B1, B2, C1, C2.1, C2.2, C3, D1 e D2 (Garcia et al., 2018). Sabe-se que a análise das sequências de um determinado gene, bem como o estudo das relações filogenéticas são importantes para poder compreender a história evolutiva. Relatos indicam que FT Dof estão associados à evolução das plantas (Taylor & Raes, 2004; Shigyo et al., 2007). Contudo, como existe diferenças no número de proteínas entre as espécies de plantas, conseqüentemente também há variações na classificação entre os grupos e subgrupos Dof. Ao compararmos estudos de algas com as plantas superiores, observamos claramente uma enorme expansão dos membros do FT Dof no processo de evolução. Estas são algumas hipóteses e indicativos que TFs Dof em plantas podem ter passado por diferentes eventos de duplicação, desencadeando diversas funções nas plantas.

Nos últimos anos por meio das NGS, o conhecimento sobre o domínio e as

sequências *Dof* aumentaram significativamente, sugerindo o seu envolvimento em muitas redes regulatórias. A família dos FTs *Dof* estão envolvidos em diversas funções importantes (Noguero et al., 2013), tais como: ciclo cicardiano (Yang et al., 2010), assimilação de carbono e nitrogênio (Santos et al., 2012), dormência (Ravindran et al. 2017), germinação (Rueda-Romero et al., 2012), regulação do desenvolvimento de estômatos (Negi et al., 2013), desenvolvimento do sistema vascular (Le Hir & Bellini, 2013), florescimento e desenvolvimento de sementes (Da Silva et al., 2016), estresses abióticos (Corrales et al., 2014; Zhang et al., 2017), bióticos (Kang et al., 2016).

3 | PERFIL TRANSCRICIONAL DE GENES *DOF* SOB CONDIÇÕES DE ESTRESSE BIÓTICO E ABIÓTICOS

Estresses bióticos e abióticos, são eventos que reduzem significativamente a produtividade e o desenvolvimento das plantas, conseqüentemente, causando grandes perdas econômicas para os países, além de ser considerado uma das principais forças seletivas durante a evolução vegetal. Apesar disso, durante o processo evolutivo, as plantas foram capazes de desenvolver mecanismos moleculares, bioquímicos e fisiológicos sofisticados para ajustar o crescimento de acordo com a disponibilidade de recursos e com as condições ambientais. Neste tópico iremos discutir os principais estudos de membros da família do gene *Dof* envolvidos em condições de estresses bióticos e abióticos. Alguns estudos, suplementarmente sugerem que as proteínas *Dof* são sinalizadoras em respostas a estímulos bióticos/abióticos (Corrales et al., 2014; Ma et al., 2015; Sasaki et al., 2015).

A família do gene *Dof* foi amplamente estudada em diversos organismos, incluindo alga unicelular *Chlamydomonas reinhardtii* e o musgo *Physcomitrella patens* (Moreno-Risueno et al., 2007). Originalmente os genes *Dof* provém de um ancestral comum, mantendo-se como cópia única na alga unicelular *C. reinhardtii*, e conseqüentemente foi expandido para outros grupos taxonômicos, aumentando o número de cópias por meio de eventos de duplicação (Moreno-Risueno et al., 2007; Gupta et al., 2015). Cronologicamente, o primeiro gene *Dof* relatado na literatura (*ZmDof1*) foi isolado e caracterizado a partir do milho (*Z. mays* L.), o qual demonstrou estar envolvido na regulação da expressão pela luz (Yanagisawa & Sheen, 1998). Nas monocotiledôneas e dicotiledôneas, o número de genes *Dof* são muito variáveis entre as espécies (Tabela 1).

Espécies	Grupo taxonômico	Número de genes	Referências
<i>Chlamydomonas reinhardtii</i>	Alga	1	Moreno-Risueno et al. (2007)
<i>Physcomitrella patens</i>	Musco	9	Moreno-Risueno et al. (2007)
<i>Selaginella moellendorffii</i>	Samabaia	8	Moreno-Risueno et al. (2007)
<i>Pinus taeda</i>	Gimnosperma	8	Moreno-Risueno et al. (2007)
<i>Arabidopsis thaliana</i>	Angiosperma	36	Lijavetzky et al. (2003)
<i>Oryza sativa</i>	Angiosperma	30	Lijavetzky et al. (2003)
<i>Hordeum vulgare</i>	Angiosperma	24	Moreno-Risueno et al. (2007)
<i>Populus trichocarpa</i>	Angiosperma	41	Yang et al. (2006)
<i>Triticum aestivum</i>	Angiosperma	31	Shaw et al. (2009)
<i>Sorghum bicolor</i>	Angiosperma	28	Kushwaha et al. (2011)
<i>Zea mays</i>	Angiosperma	54	Jiang et al. (2012)
<i>Brachypodium distactylon</i>	Angiosperma	27	Hernando-Amado et al. (2012)
<i>Solanum lycopersicum</i>	Angiosperma	34	Cai et al. (2013)
<i>Ricinus communis</i> L.	Angiosperma	21	Jin et al. (2014)
<i>Saccharum officinarum</i>	Angiosperma	25	Gupta et al. (2014)
<i>Cajanus cajan</i> (L.) Millsp.	Angiosperma	38	Malviya et al. (2015)
<i>Medicago truncatula</i>	Angiosperma	42	Shu et al. (2015)
<i>Hevea brasiliensis</i> Muell. Arg.	Angiosperma	51	Zou et al. (2015)
<i>Solanum tuberosum</i>	Angiosperma	35	Venkatesh; Park (2015)
<i>Brassica rapa</i>	Angiosperma	76	Ma et al. (2016)
<i>Setaria italica</i>	Angiosperma	35	Zhang et al. (2017)
<i>Capsicum annuum</i> L.	Angiosperma	33	Wu et al. (2016)
<i>Vitis vinifera</i>	Angiosperma	25	da Silva et al. (2016)
<i>Cucumis sativus</i>	Angiosperma	36	Wen et al. (2016)
<i>Musa acuminata</i>	Angiosperma	75	Dong et al. (2016)
<i>Chrysanthemum morifolium</i>	Angiosperma	20	Song et al. (2016)
<i>Phyllostachys heterocycla</i> var. <i>pubescens</i>	Angiosperma	26	Wang et al. (2016)
<i>Daucus carota</i> subsp. <i>Sativus</i>	Angiosperma	46	Huang et al. (2016)
<i>Prunus persica</i>	Angiosperma	25	Chen et al. (2017)
<i>Phaseolus vulgaris</i> L.	Angiosperma	36	Ito et al. (2017)
<i>Malus domestica</i>	Angiosperma	60	Zhang et al. (2017)
<i>Boehmeria nivea</i> L. Gaud	Angiosperma	19	Xu et al. (2018)
<i>Phyllostachys edulis</i>	Angiosperma	26	Cheng et al. (2018)
<i>Solanum melongena</i> L.	Angiosperma	29	Wei et al. (2018)
<i>Coffea canephora</i>	Angiosperma	24	Garcia et al. (2018)
<i>Jatropha curcas</i> L.	Angiosperma	24	Wang et al. (2018)
<i>Ananas comosus</i>	Angiosperma	26	Azam et al. (2018)
<i>Gossypium hirsutum</i>	Angiosperma	114	Li et al. (2018)
<i>Eleusine coracana</i>	Angiosperma	32	Gupta et al. (2018)
<i>Ananas comosus</i> L.	Angiosperma	25	Hong et al. (2019)
<i>Manihot esculenta</i>	Angiosperma	45	Zou et al. (2019)
<i>Citrus sinensis</i> L. Osbeck	Angiosperma	24	Guaberto et al. (2019)

Tabela 1. Lista de diferentes espécies que apresentam membros genes Dof.

Até o presente momento, na literatura, são poucos os estudos que fornecem informações do envolvimento da família Dof em respostas ao estresse biótico. Por exemplo, muitos membros da família Solanaceae são expostas a várias doenças, tais como: vírus do mosaico do tabaco (TMV), *Collectricum* spp, *Phytophthora capsici*, dentre outros patógenos. Em *Capsicum annuum* 'CM334' os *CaDofs* foram diferencialmente regulados, sugerindo que esses genes podem desempenhar um papel crucial na defesa contra estresses bióticos (Kang et al., 2016). Wen et al. (2016) dos 36 genes *CsDof* identificados em *C. sativus*, 22 responderam à inoculação do patógeno *Pseudoperonospora cubensis*. Ressaltando que neste estudo, *CsDof10*, *CsDof12*, *CsDof19* e *CsDof31* foram os genes que apresentaram maior expressão no primeiro dia após a inoculação com o patógeno, enquanto que a expressão de outros genes (*CsDof02*, *CsDof04*, *CsDof18*, *CsDof25*, *CsDof28*, *CsDof35* e *CsDof36*) foram diferencialmente expressos após o segundo dia de inoculação.

Neste íterim, Chen & Cao (2014), através de uma ampla análise comparativa

da família do FT Dof com *Z. mays*, estes autores observaram que entre os 46 genes identificados, três (*ZmDof16*, *ZmDof22* e *ZmDof36*), foram fortemente induzidos sob condições de estresse abiótico. Em *P. edulis*, 12 genes *PheDof* (*PheDof4*, 6, 10, 12, 13, 15, 16, 17, 23, 24, 25 e 26) foram selecionados para análise de expressão em condições de salinidade, seca e frio. Os genes *PheDof6*, 10, 15 e 16, foram mais expressos em estresse salino, e *PheDof6* e 10, foram regulados positivamente pelo tratamento a frio. No tratamento da seca, os genes (*PheDof6*, 15 e 25) apresentaram maior acúmulo de transcritos. Cheng et al. (2018), ao compilarem esses dados, propõe que os genes *PheDof* em bambu são responsivos aos estresses abióticos. Em *Malus domestica*, uma planta economicamente importante, Zhang et al. (2017), identificaram 60 *MdDof*. Com efeito, a maioria dos membros da família *MdDof* foram caracterizados em desempenharem papéis importantes na tolerância das plantas ao estresse abiótico. Em *Arabidopsis*, Corrales et al. (2017) identificaram um grupo de genes Dof conhecidos como CDFs cuja expressão foi descrita como responsivo a diferentes estresses abióticos. Neste estudo, CDF3 controla a expressão de um determinado grupo de genes envolvidos em respostas a temperaturas extremas, seca e estresse osmótico, incluindo alguns reguladores de estresse abióticos centrais como, CBFs, DREB2A e ZAT12.

A análise da expressão gênica dos genes *GhDofA5.7*, *GhDofA7.4*, *GhDofA8.2*, *GhDof11.1*, *GhDofD7.2* e *GhDofD11.3* em *G. hirsutum* L. demonstraram ser significativamente responsivos ao estresse pelo frio, enquanto que *GhDofD9.6* foi responsivo ao estresse salino (Li et al., 2018).

Como relatado acima, os genes *Dof* são caracterizados como importantes moduladores no mecanismo de respostas aos estresses bióticos e abióticos em plantas (Ma et al., 2015; Cheng et al., 2018; Yang et al., 2018). Com base nessas informações, há uma necessidade de entender melhor a dinâmica evolutiva de redes regulatórias formado pelo domínio Dof e identificar e triar novos genes candidatos *Dof* associados a essas condições adversas, principalmente em plantas de interesse agrônomico.

4 | PERSPECTIVAS

Os fatores de transcrição Dof estão associados a vários processos biológicos exclusivos em plantas. Nos últimos anos, a nossa compreensão sobre o mecanismo regulatório dos Dofs e seu papel durante o crescimento, desenvolvimento e respostas frente aos diferentes estresses em plantas modelo foi bastante estudado por diferentes abordagens genéticas. No entanto, ainda existem muitas lacunas a serem elucidadas e não temos uma compreensão profunda dos processos regulatórios desses fatores de transcrição. Por exemplo, ainda não está claro como os repressores Dofs regulam a repressão de genes? Como outros fatores de transcrição e proteínas sinalizadoras interagem com as proteínas Dofs e regula os diversos processos biológicos? Quais são

os genes e como são regulados pelos fatores de transcrição Dof? Essas são algumas das principais questões a serem abordadas. Embora, muitos genes candidatos que são regulados pelos Dofs foram identificados experimentalmente e por meio de análises de bioinformática nos últimos anos, será interessante entender a função desses genes e o mecanismo regulador de algumas proteínas importantes dos FTs. O grande desafio será integrar o conhecimento sobre a regulação dos Dofs em diferentes processos de desenvolvimento das plantas e entender como esses processos funcionam nas diferentes espécies de vegetais. Por fim, como alguns fatores de transcrição de Dof têm o potencial de aumentar o rendimento ou a produção de metabólitos em plantas, tal entendimento pode ser particularmente importante para o desenvolvimento de novas aplicações no melhoramento de plantas.

REFERÊNCIAS

AZAM, S. M.; LIU, Y.; RAHMAN, Z. U.; ALI, H.; YAN, C.; WANG, L.; PRIYADARSHANI, S.V.G.N.; HU, B.; HUANG, X.; XIONG, J.; QIN, Y. Identification, Characterization and Expression Profiles of *Dof* Transcription Factors in Pineapple (*Ananas comosus* L.). **Tropical Plant Biology**, p. 1–16, 2018.

CAI, X.; ZHANG, Y.; ZHANG, C.; ZHANG, T.; HU, T.; YE, J.; ZHANG, J.; WANG, T.; LI, H.; YE, Z. Genome-wide analysis of plant-specific *Dof* transcription factor family in tomato. **Journal of Integrative Plant Biology**, v.55, n.6, p. 552–566, 2013.

CHEN, M.; LIU, X.; HUAN, L.; SUN, M.; LIU, L.; CHEN, X.; GAO, D.; LI, L. Genome-wide analysis of *Dof* family genes and their expression during bud dormancy in peach (*Prunus persica*). **Scientia Horticulturae**, v.214, p. 18–26, 2017.

CORRALES, A.R.; NEBAUER, S.G.; CARRILLO, L.; FERNANDEZ-NOHALES, P.; MARQUES, J.; RENAU-MORATA, B.; GRANELL, A.; POLLMANN, S.; VICENTE-CARBAJOSA, J.; MOLINA, R.V.; MEDINA, J. Characterization of tomato Cycling *Dof* Factors reveals conserved and new functions in the control of flowering time and abiotic stress responses. **Journal of Experimental Botany**, v. 65, p. 995–1012, 2014.

CORRALES, A.R.; CARRILLO, L.; LASIERRA, P.; NEBAUER, S. G.; DOMÍNGUEZ-FIGUEROA, J.; RENAU-MORATA, B.; POLLMANN, S.; GRANELL, A.; MOLINA, R. V.; VICENTE-CARBAJOSA, J.; MEDINA, J. Multifaceted role of cycling *Dof* Factor 3 (CDF3) in the regulation of flowering time and abiotic stress responses in Arabidopsis. **Plant Cell Environment**, v.40, p.748–764, 2017.

CHEN, Y.; CAO, J. Comparative analysis of *Dof* transcription factor family in maize. **Plant Molecular Biology Reports**, 33, 1245–1258, 2014.

CHENG, Z.; HOU, D.; LIU, J.; LI, X.; XIE, L.; MA, Y.; GAO, J. Characterization of moso bamboo (*Phyllostachys edulis*) *Dof* factors in floral development and abiotic stress responses. **Genome**, v.61, p. 151–156, 2018.

Da SILVA, D.C.; FALAVIGNA, V.S.; FASOLI, M.; BUFFON, V.; PORTO, D.D.; PAPPAS JR, G.J.; PEZZOTTI, M.; PASQUALI, G.; REVERS, L.F. Transcriptome Analyses of the *Dof*-Like Gene Family in Grapevine Reveal Its Involvement in Berry, Flower and Seed Development. **Horticulture Research**, v.3, n.16042, 2016.

DIAZ, I.; MARTINEZ, M.; ISABEL-LAMONEDA, I.; RUBIO-SOMOZA, I.; CARBONERO, P. The *Dof* protein, SAD, interacts with GAMYB in plant nuclei and activates transcription of endosperm-specific genes during barley seed development. **Plant Journal**, v. 42, p.652–662, 2005.

- FENG, B.H.; HAN, Y.C.; XIAO, Y.Y.; KUANG, J.F.; FAN, Z.Q.; CHEN, J.Y., et al. The banana fruit Dof transcription factor MaDof23 acts as a repressor and interacts with MaERF9 in regulating ripening-related genes. **Journal of Experimental Botany**, v. 67, p. 2263–2275, 2016.
- GARCIA, V.; RIBAS, A.F.; VIEIRA, L.G.E.; DOS SANTOS T.B. *In silico* analysis of the Dof transcription factor family in *Coffea canephora*. **Colloquium Agrariae**, v.14, n.4, p.99–111, 2018.
- GUPTA, S.; MALVIYA, N.; KUSHWAHA, H.; NASIM, J.; BISHT, N. C.; SINGH, V. K.; YADAV, D. Insights into structural and functional diversity of Dof (DNA binding with one finger) transcription factor. **Planta**, v. 241, n. 3, p. 549–562, 2015.
- HUANG, W.; HUANG, Y.; LI, M.Y.; WANG, F.; XU, Z.S.; XIONG, A.S. Dof transcription factors in carrot: genome-wide analysis and their response to abiotic stress. **Biotechnology Letters**, v. 38, p. 145–155, 2016.
- HOU, Y.; WU, A. L.; HE, Y. Y.; LI, F. D.; WEI, C. L. Genome-wide characterization of the basic leucine zipper transcription factors in *Camellia sinensis*. **Tree Genetics & Genomes**, v. 14, p. 27, 2018.
- ITO, T.M.; TREVIZAN, C.B.; DOS SANTOS, T.B.; DE SOUZA, S.G.H. Genome-Wide Identification and Characterization of the Dof Transcription Factor Gene Family in *Phaseolus vulgaris* L. **American Journal of Plant Sciences**, v. 8, p. 3233–3257, 2017.
- JIN, Z.; CHANDRASEKARAN, U.; LIU, A. Genome-wide analysis of the Dof transcription factors in castor bean (*Ricinus communis* L.). **Genes Genomics**, v. 36, p. 527–537, 2014.
- KANG, W.H.; KIM, S.; LEE, H.A.; CHOI, D.; YEOM, S.I. Genome-wide Analysis of Dof Transcription Factors Reveals Functional Characteristics during Development and Response to Biotic Stresses in Pepper. **Scientific Reports**, v. 6, n. 33332, 2016.
- KISU, Y.; ONO, T.; SHIMOFURUTANI, N.; SUZUKI, M.; ESAKA, M. Characterization and expression of a new class of zinc finger protein that binds to silencer region of ascorbate oxidase gene. **Plant Cell Physiology**, v. 39, p. 1054–1064, 1998.
- KREBS, J.; MUELLER-ROEBER, B.; RUZICIC, S. A novel bipartite nuclear localization signal with an atypically long linker in Dof transcription factors. **Journal of Plant Physiology**, v.167, n.7, p.583–586, 2010.
- KUSHWAHA, H.; GUPTA, S.; SINGH, V.K.; RASTOGI, S.; YADAV, D. Genome wide identification of Dof transcription factor gene family in sorghum and its comparative phylogenetic analysis with rice and Arabidopsis. **Molecular Biology Reports**, v. 38, p. 5037–5053, 2011.
- LE HIR, R.; BELLINI, C. The plant-specific dof transcription factors family: new players involved in vascular system development and functioning in Arabidopsis. **Frontiers Plant Science**, v.4, p.164, 2013.
- LI, H.; DOU, L.; LI, W.; WANG, P.; ZHAO, Q.; XI, R.; PEI X.; LIU Y.; REN, Z. Genome-Wide Identification and Expression Analysis of the Dof Transcription Factor Gene Family in *Gossypium hirsutum* L. **Agronomy**, v.8, n.9, p. 186, 2018.
- LIJAVETZKY, D.; CARBONERO, P.; VICENTE-CARBAJOSA, J. Genome-wide comparative phylogenetic analysis of the rice and Arabidopsis Dof gene families. **BMC Evolutionary Biology**, v. 3, n.17, 2003.
- MA, J.; LI, M-Y.; WANG, F.; TANG, J.; XIONG, A. S. Genome-wide analysis of Dof family transcription factors and their responses to abiotic stresses in Chinese cabbage. **BMC Genomics**, v. 16, p. 33, 2015.

- MALVIYA, N.; GUPTA, S.; SINGH, V.K.; YADAV, M.K.; BISHT, N.C.; SARANGI, B.K.; YADAV, D. Genome wide *in silico* characterization of *Dof* gene families of pigeonpea (*Cajanus cajan* (L) Millsp.). **Molecular Biology Reports**, v. 42, n. 2, p. 535–552, 2015.
- MORENO-RISUENO, M.Á.; DÍAZ, I.; CARRILLO, L.; FUENTES, R.; CARBONERO, P. The HvDof19 transcription factor mediates the abscisic acid-dependent repression of hydrolase genes in germinating barley aleurone. **Plant Journal**, v. 51, p.352–365, 2007.
- NEGI, J.; MORIWAKI, K.; KONISHI, M.; YOKOYAMA, R.; NAKANO, T.; KUSUMI, K.; HASHIMOTO-SUGIMOTO, M.; SCHROEDER, J.I.; NISHITANI, K.; YANAGISAWA, S.; IBA, K. A DOF transcription factor, SCAP1, is essential for the development of functional stomata in Arabidopsis. **Current Biology**, v.23, p. 479–484, 2013.
- NOGUERO, M.; ATIF, R.M.; OCHATT, S.; THOMPSON, R.D. The role of the DNA-binding One Zinc Finger (Dof) transcription factor family in plants. **Plant Sci Int Journal of Experimental Plant Biology**, v.209, p. 32–45, 2013.
- RAVINDRAN, P.; VERMA, V.; STAMM, P.; KUMAR, P.P. A Novel RGL2–DOF6 Complex Contributes to Primary Seed Dormancy in Arabidopsis thaliana by Regulating a GATA Transcription Factor. **Molecular Plant**, v.10, n.10, p.1307–1320, 2017.
- RUEDA-ROMERO, P.; BARRERO-SICILIA, C.; GOMEZ-CADENAS, A.; CARBONERO, P.; ONATE-SANCHEZ, L. Arabidopsis thaliana DOF6 negatively affects germination in non-after-ripened seeds and interacts with TCP14. **Journal of Experimental Botany**, v.63, p.1937–1949, 2012.
- SASAKI, N.; MATSUMARU, M.; ODAIRA, S.; NAKATA, A.; NAKATA, K.; NAKAYAMA, I.; et al. Transient expression of tobacco BBF1-related Dof proteins, BBF2 and BBF3, upregulates genes involved in virus resistance and pathogen defense. **Physiology Molecular Plant Pathology**, v.89, p.70–77, 2015.
- SHIGYO, M.; Tabei, N.; YONEYAMA, T.; YANAGISAWA, S. Evolutionary processes during the formation of the plant-specific Dof transcription factor family. **Plant Cell Physiology**, v.48, n1, p.179–85, 2007.
- SHU, Y.J.; SONG, L.L.; ZHANG, J.; LIU, Y.; GUO, C.H. Genome-wide identification and characterization of the *Dof* gene family in *Medicago truncatula*. **Genetics and Molecular Research**, v.14, n.3, p.10645–10657, 2015.
- SANTOS, L.A.; DE SOUZA, S.R.; FERNANDES, M.S. OsDof25 expression alters carbon and nitrogen metabolism in Arabidopsis under high N-supply. **Plant Biotechnology Reports**, v.6, n.4, p. 327–337, 2012.
- SONG, A.; GAO, T.; LI, P.; CHEN, S.; WU, D.; XIN, J.; FAN, Q.; ZHAO, K.; CHEN, F. Transcriptome-Wide Identification and Expression Profiling of the Dof Transcription Factor Gene Family in *Chrysanthemum morifolium*. **Frontiers in Plant Science**, v.7, p. 199, 2016.
- TAYLOR, J.S.; RAES, J. Duplication and divergence: the evolution of new genes and old ideas. **Annual Review of Genetics**, v.38, p. 615–43, 2004.
- UMEMURA, Y.; ISHIDUKA, T.; YAMAMOTO, R.; ESAKA, M. The Dof domain, a zinc finger DNA-binding domain conserved only in higher plants, truly functions as a Cys2/Cys2 Zn finger domain. **Plant Journal**, v.37, p. 741–749, 2004.
- VENKATESH, J.; PARK, S.W. Genome-wide analysis and expression profiling of DNA-binding with one zinc finger (Dof) transcription factor family in potato. **Plant Physiology and Biochemistry**, v.94, p.73–85, 2015.

- VICENTE-CARBAJOSA, J.; MOOSE, S.P.; PARSONS, R.L.; SCHMIDT, R.J. A maize zinc-finger protein binds the prolamins box in zein gene promoters and interacts with the basic leucine zipper transcriptional activator Opaque2. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, v.94, p. 7685–7690, 1997.
- WANG, T.; YUE, J.-J.; WANG, X.-J.; XU, L.; LI, L.-B.; GU, X.-P. Genome-Wide Identification and Characterization of the Dof Gene Family in Moso Bamboo (*Phyllostachys heterocycla* var. *pubescens*). **Genes & Genomics**, v.38, n.733, 2016.
- WANG, P.; LI, J.; GAO, X.; ZHANG, D.; LI, A.; LIU, C. Genome-Wide Screening and Characterization of the Dof Gene Family in Physic Nut (*Jatropha curcas* L.). **International Journal of Molecular sciences**, v.19, n.6, p.1598, 2018.
- WEI, Q.; WANG, W.; HU, T.; HU, H.; MAO, W.; ZHU, Q.; BAO, C. Genome-wide identification and characterization of Dof transcription factors in eggplant (*Solanum melongena* L.). **PeerJ**, n. 6e4481, 2018.
- WEI, P.C.; TAN, F.; GAO, X.Q.; ZHANG, X.Q.; WANG, G.Q.; XU, H.; LI, L.J.; CHEN, J.; WANG, X.C. Overexpression of AtDof4.7, an Arabidopsis Dof family transcription factor, induces floral organ abscission deficiency in Arabidopsis. **Plant Physiology**, v.153, p. 1031–1045, 2010.
- WEN, C. L.; CHENG, Q.; ZHAO, L.; MAO, A.; YANG, J.; YU, S.; WENG, Y.; XU, Y. Identification and characterisation of Dof transcription factors in the cucumber genome. **Scientific Reports**, v. 6, n.23072, 2016.
- WU, Y.; YANG, W.; WEI, J.; YOON, H.; AN, G. Transcription factor *OsDOF18* controls ammonium uptake by inducing ammonium transporters in Rice Roots. **Molecules and Cells**, v.40, n.3, p.178-185, 2017.
- WU, Z.; CHENG, J.; CUI, J.; XU, X.; LIANG, G.; LUO, X.; CHEN, X.; TANG, X.; HU, K.; QIN, C. Genome-wide identification and expression profile of dof transcription factor gene family in pepper (*Capsicum annuum* L.). **Frontiers in Plant Science**, v.7, n.574, 2016.
- XU, X.; LI, F.; WANG, Y.; TANG, S.; DAI, Q.; ZHU, S.; LIU, T. Identification of Dof transcription factors in ramie (*Boehmeria nivea* L. Gaud) and their expression in response to different nitrogen treatments. **3 Biotechnol**, v. 8, n. 12, p. 496, 2018.
- YANAGISAWA, S.; SHEEN J. Involvement of maize Dof zinc finger proteins in tissue specific and light-regulated gene expression. **The Plant Cell**, v.10, n.1, p.75–89, 1998.
- YANAGISAWA, S.; SCHMIDT, R.J. Diversity and similarity among recognition sequences of Dof transcription factors. **Plant Journal**, v. 17, p. 209–214, 1999.
- YANAGISAWA, S. Dof domain proteins: Plant-specific transcription factors associated with diverse phenomena unique to plants. **Plant Cell Physiology**, v.45, p. 386–391, 2004.
- YANAGISAWA, S. Structure, Function, and Evolution of the Dof Transcription Factor Family. In: *Plant Transcription Factors*. **Academic Press**, p. 183–197, 2016.
- YANAGISAWA, S., AKIYAMA, A., KISAKA, H., UCHIMIYA, H. AND MIWA, T. Metabolic engineering with DOF1 transcription factor in plants: improved nitrogen assimilation and growth under low-nitrogen conditions. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 101, p. 7833–7838, 2004.
- YANG, Q.; CHEN, Q.; ZHU, Y.; LI, T. Identification of *MdDof* genes in apple and analysis of their response to biotic or abiotic stress. **Functional Plant Biology**, v. 45, n. 5, p. 528–541, 2018.

YANG, J.; YANG, M.F.; WANG, D.; CHEN, F.; SHEN, S.H. JcDof1, a Dof transcription factor gene, is associated with the light-mediated circadian clock in *Jatropha curcas*. **Physiology Plant**, v. 139, p. 324–334, 2010.

ZHANG, B.; CHEN, W.; FOLEY, R.C.; BUTTNER, M.; SINGH, K.B. Interactions between distinct types of DNA binding proteins enhance binding to ocs element promoter sequences. **Plant Cell**, v.7, p. 2241–2252, 1995.

ZHANG, L.; LIU, B.; ZHENG, G.; ZHANG, A.; LI, R. Genome-wide characterization of the *SiDof* gene family in foxtail millet (*Setaria italica*). **Biosystems**, v. 151, p. 27–33, 2017.

ZHANG, Z.; YUAN, L.; LIU, X.; CHEN, X.; WANG, X. Evolution analysis of Dof transcription factor family and their expression in response to multiple abiotic stresses in *Malus domestica*. **Gene**, v.639, p.137–148, 2017.

ZOU, Z.; ZHU, J.L.; ZHANG, X.C. Genome-wide identification and characterization of the Dof gene family in cassava (*Manihot esculenta*). **Gene**, v. 687, n. 1, p.298–307, 2019.

ZOU, X.; NEUMAN, D.; SHEN, Q.J. Interactions of two transcriptional repressors and two transcriptional activators in modulating gibberellin signaling in aleurone cells. **Plant Physiology**, v.148, p. 176–186, 2008.

SOBRE O ORGANIZADOR

BENEDITO RODRIGUES DA SILVA NETO Possui graduação em Ciências Biológicas pela Universidade do Estado de Mato Grosso (2005), com especialização na modalidade médica em Análises Clínicas e Microbiologia. Em 2006 se especializou em Educação no Instituto Araguaia de Pós graduação Pesquisa e Extensão. Obteve seu Mestrado em Biologia Celular e Molecular pelo Instituto de Ciências Biológicas (2009) e o Doutorado em Medicina Tropical e Saúde Pública pelo Instituto de Patologia Tropical e Saúde Pública (2013) da Universidade Federal de Goiás. Pós-Doutorado em Genética Molecular com concentração em Proteômica e Bioinformática. Também possui seu segundo Pós doutoramento pelo Programa de Pós-Graduação Stricto Sensu em Ciências Aplicadas a Produtos para a Saúde da Universidade Estadual de Goiás (2015), trabalhando com Análise Global da Genômica Funcional e aperfeiçoamento no Institute of Transfusion Medicine at the Hospital Universitätsklinikum Essen, Germany. Palestrante internacional nas áreas de inovações em saúde com experiência nas áreas de Microbiologia, Micologia Médica, Biotecnologia aplicada a Genômica, Engenharia Genética e Proteômica, Bioinformática Funcional, Biologia Molecular, Genética de microrganismos. É Sócio fundador da “Sociedade Brasileira de Ciências aplicadas à Saúde” (SBCSaúde) onde exerce o cargo de Diretor Executivo, e idealizador do projeto “Congresso Nacional Multidisciplinar da Saúde” (CoNMSaúde) realizado anualmente no centro-oeste do país. Atua como Pesquisador consultor da Fundação de Amparo e Pesquisa do Estado de Goiás - FAPEG. Coordenador do curso de Especialização em Medicina Genômica e do curso de Biotecnologia e Inovações em Saúde no Instituto Nacional de Cursos. Como pesquisador, ligado ao Instituto de Patologia Tropical e Saúde Pública da Universidade Federal de Goiás (IPTSP-UFG), o autor tem se dedicado à medicina tropical desenvolvendo estudos na área da micologia médica com publicações relevantes em periódicos nacionais e internacionais.

ÍNDICE REMISSIVO

A

Ácido fólico 148
Análise de diversidade genética de Nei 205
Análise Multivariada 93

B

Bahia 24, 53, 54, 57, 60, 63, 64, 151, 188
Banco de DNA 5, 54, 57, 63
Bioaromas 38, 39
Bioinformática 118, 244

C

Camapu 47, 48, 59
Capsicum sp. 93, 94, 95, 103
Capsicum spp. 7, 8, 76, 77, 78, 81, 82, 93, 94, 95, 96, 98, 99, 100, 101, 102, 103, 104
Caracterização morfoagronômica 47
Coeficientes de endogamia 5, 205
COI 140, 141, 144, 147, 155, 156, 158, 159, 160, 161, 162, 163, 164, 165
Componentes principais 201
Conservação de RGV 167
Crassostrea 9, 155, 156, 158, 160, 162, 163, 164, 165, 166
Cultivares 5, 7, 86, 114, 196
Cultivo urbano 167

D

Dissimilaridade 104, 116
Divergência 23, 104, 113, 115, 143, 162, 192, 193
DNA Mitoconrial 155
Dof (DNA-binding with One Zinc Finger) 118

E

Epidemiologia 148
Espécies Negligenciadas e Subutilizadas 54
Espinha bífida 148, 149, 151
Estabilidade genética 10
Estudos genéticos 66
Expressão de genes 118

F

Fenofase reprodutiva 130
Flamboyant 174, 175
Fluxo gênico 205, 214, 216
Fragmentação florestal 205

G

Germinação in vitro 174, 177, 178
Germoplasma 5, 1, 3, 11, 13, 15, 16, 61, 62, 64, 93, 106, 108, 113, 114, 116, 117, 185, 186, 187, 188, 189, 190, 192, 242
Gower 106, 107, 110, 117

H

Herbário 53, 54, 57, 61, 132
Hortaliças 61, 62, 64, 65, 167, 172

I

Identificação Molecular 38, 40

L

Leveduras não-Saccharomyces 38

M

Malus spp. 107, 115
Maranhão 9, 75, 76, 78, 80, 82, 93, 94, 95, 103, 131, 138, 140, 148, 149, 150, 151, 152, 153, 155, 156, 157, 158, 160, 162, 164, 165, 167, 168, 169, 170
Melhoramento genético 76
Metabólitos secundários 66
Microrganismos Patogênicos 25

P

PANC 53, 54, 55, 56, 57, 59, 60, 61, 62, 63, 64
Plantas medicinais 51, 182
Precipitação 71, 72

Q

Qualidade de sementes 5

R

Receptividade estigmática 174

Ricinus communis L. 84, 85, 92, 126, 194, 195, 233, 234, 242, 243

Rubiaceae 13, 14, 16, 23, 59, 61

S

Sanidade Animal 25

Sapo-cururu 138

SDS 66, 67, 68, 69, 72

Segurança Alimentar 25, 173

Seleção direta 76

Simulações em Easypop 205

Sistemática 138

T

Triticum aestivum 1, 2, 11

Triton X-100 66, 67, 68, 69, 72

U

Uva 115, 185, 186

V

Variabilidade 47, 74, 104, 114, 192

Viabilidade Polínica 174

Videira 187, 188, 189

Agência Brasileira do ISBN
ISBN 978-85-7247-486-3



9 788572 474863