

# Introduction to Bioinformatics

Ernane Rosa Martins  
(Organizador)

 **Atena**  
Editora  
2019



**Ernane Rosa Martins**  
**(Organizador)**

# **Introduction to Bioinformatics**

**Atena Editora**  
**2019**

2019 by Atena Editora

Copyright © da Atena Editora

Editora Chefe: Profª Drª Antonella Carvalho de Oliveira

Diagramação e Edição de Arte: Geraldo Alves e Natália Sandrini

Revisão: Os autores

#### Conselho Editorial

- Prof. Dr. Alan Mario Zuffo – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul  
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  
Profª Drª Cristina Gaio – Universidade de Lisboa  
Prof. Dr. Constantino Ribeiro de Oliveira Junior – Universidade Estadual de Ponta Grossa  
Profª Drª Daiane Garabeli Trojan – Universidade Norte do Paraná  
Prof. Dr. Darllan Collins da Cunha e Silva – Universidade Estadual Paulista  
Profª Drª Deusilene Souza Vieira Dall’Acqua – Universidade Federal de Rondônia  
Prof. Dr. Eloi Rufato Junior – Universidade Tecnológica Federal do Paraná  
Prof. Dr. Fábio Steiner – Universidade Estadual de Mato Grosso do Sul  
Prof. Dr. Gianfábio Pimentel Franco – Universidade Federal de Santa Maria  
Prof. Dr. Gilmei Fleck – Universidade Estadual do Oeste do Paraná  
Profª Drª Girlene Santos de Souza – Universidade Federal do Recôncavo da Bahia  
Profª Drª Ivone Goulart Lopes – Istituto Internazionele delle Figlie de Maria Ausiliatrice  
Profª Drª Juliane Sant’Ana Bento – Universidade Federal do Rio Grande do Sul  
Prof. Dr. Julio Candido de Meirelles Junior – Universidade Federal Fluminense  
Prof. Dr. Jorge González Aguilera – Universidade Federal de Mato Grosso do Sul  
Profª Drª Lina Maria Gonçalves – Universidade Federal do Tocantins  
Profª Drª Natiéli Piovesan – Instituto Federal do Rio Grande do Norte  
Profª Drª Paola Andressa Scortegagna – Universidade Estadual de Ponta Grossa  
Profª Drª Raissa Rachel Salustriano da Silva Matos – Universidade Federal do Maranhão  
Prof. Dr. Ronilson Freitas de Souza – Universidade do Estado do Pará  
Prof. Dr. Takeshy Tachizawa – Faculdade de Campo Limpo Paulista  
Prof. Dr. Urandi João Rodrigues Junior – Universidade Federal do Oeste do Pará  
Prof. Dr. Valdemar Antonio Paffaro Junior – Universidade Federal de Alfenas  
Profª Drª Vanessa Bordin Viera – Universidade Federal de Campina Grande  
Profª Drª Vanessa Lima Gonçalves – Universidade Estadual de Ponta Grossa  
Prof. Dr. Willian Douglas Guilherme – Universidade Federal do Tocantins

#### Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP) (eDOC BRASIL, Belo Horizonte/MG)

I61	Introduction to bioinformatics [recurso eletrônico] / Organizador Ernane Rosa Martins. – Ponta Grossa (PR): Atena Editora, 2019.  Formato: PDF Requisitos de sistema: Adobe Acrobat Reader Modo de acesso: World Wide Web Inclui bibliografia. ISBN 978-85-7247-113-8 DOI 10.22533/at.ed.138191202  1. Bioinformática. 2. Inteligência artificial. I. Martins, Ernane Rosa.  CDD 570.285
-----	---

Elaborado por Maurício Amormino Júnior – CRB6/2422

O conteúdo dos artigos e seus dados em sua forma, correção e confiabilidade são de responsabilidade exclusiva dos autores.

2019

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.

[www.atenaeditora.com.br](http://www.atenaeditora.com.br)

## APRESENTAÇÃO

A bioinformática é um campo interdisciplinar, que busca analisar, interpretar e processar dados biológicos, com foco na aplicação de técnicas computacionais intensivas, tais como: métodos computacionais, teoria de grafos, inteligência artificial, algoritmos matemáticos, reconhecimento de padrões, mineração de dados, algoritmos de aprendizado de máquina, processamento de imagens e simulação computacional. Como um campo interdisciplinar, a bioinformática combina diversas áreas do conhecimento, como: engenharia, matemática, física, química, estatística, ciência da computação e biologia, entre outras.

A coletânea “*Introduction to bioinformatics*” é um livro composto por 6 capítulos que abordam assuntos atuais, tais como: o adenocarcinoma gástrico que é uma malignidade com elevada incidência e mortalidade no mundo; o vírus zika (VZIK) que é um Arbovirus que pertence à família Flaviviridae; As  $H^+$ -ATPases que são proteínas integrais da membrana plasmática que têm a capacidade de utilizar a energia química da hidrólise de ATP para expulsar os prótons para o ambiente extracelular, atuando na manutenção da homeostase iônica e transporte de solutos; o vírus da família Geminiviridae que tem sido intensamente estudado devido à gravidade das doenças causadas em várias culturas importantes como: feijão, algodão, milho, tomate e mandioca.

Espero que os capítulos deste livro possam contribuir efetivamente na disseminação dos conhecimentos relevantes da bioinformática, proporcionando uma visão ampla sobre este campo de conhecimento.

Assim, desejo a todos uma excelente leitura.

Ernane Rosa Martins

## SUMÁRIO

### **CAPÍTULO 1 ..... 1**

ANÁLISE DE lncRNAs EM NPCs DE HAMSTER GOLDEN SÍRIO (*Mesocricetus auratus*) RECÉM-NASCIDOS INFECTADOS PELO VÍRUS ZIKA

Jardel Fabio Lopes Ferreira  
Samir Mansour Moraes Casseb  
Karla Fabiane Lopes de Melo  
Carlos Alberto Marques de Carvalho  
Gustavo Moraes Holanda  
Paloma Daguer Ewerton dos Santos  
Suellen de Almeida Machado  
Francisco Canindé Ferreira de Luna  
Walter Felix Franco Neto  
Lívia Carício Martins  
Ana Cecília Ribeiro Cruz  
Pedro Fernando da Costa Vasconcelos

**DOI 10.22533/at.ed.1381912021**

### **CAPÍTULO 2 ..... 11**

ANÁLISE *IN SILICO* DA FARMACOCINÉTICA E FARMACODINÂMICA DO COMPOSTO BENZOTIAZÓLICO COM POTENCIAL ANTITUMORAL CONTRA LINHAGEM DE ADENOCARCINOMA GÁSTRICO

Felipe Pantoja Mesquita  
Luina Benevides Lima  
Julio Paulino Daniel  
Adrhyan Jullyanne de Sousa Portilho  
Lais Lacerda Brasil de Oliveira  
Emerson Lucena da Silva  
Eliza de Lucas Chazin  
Thatyana Rocha Alves Vasconcelos  
Maria Elisabete Amaral de Moraes  
Raquel Carvalho Montenegro

**DOI 10.22533/at.ed.1381912022**

### **CAPÍTULO 3 ..... 23**

ANÁLISE PRIMÁRIA DE TRANSCRIPTOMA DE TECIDO TESTICULAR DE HAMSTERS (*MESOCRICETUS AURATUS*) INFECTADOS COM VÍRUS ZIKA

Walter Felix Franco Neto  
Samir Mansour Moraes Casseb  
Karla Fabiane Lopes de Melo  
Wallax Augusto Silva Ferreira  
Ana Paula Sousa Araujo  
Jardel Fabio Lopes Ferreira  
Taiana Andrade Freitas  
Milene Ferreira Silveira  
Livia Carício Martins  
Pedro Fernando da Costa Vasconcelos

**DOI 10.22533/at.ed.1381912023**



<b>CAPÍTULO 4</b> .....	<b>32</b>
CARACTERIZAÇÃO FILOGENÉTICA DA FAMÍLIA MULTIGÊNICA DA H <sup>+</sup> -ATPASE DE MEMBRANA PLASMÁTICA EM MONOCOTILEDÔNEAS DA ORDEM POALES	
Lyndefânia Melo de Sousa Clesivan Pereira dos Santos Thais Andrade Germano Moacília de Souza Lemos Stelamaris de Oliveira Paula Rafael de Souza Miranda José Helio Costa	
<b>DOI 10.22533/at.ed.1381912024</b>	
<b>CAPÍTULO 5</b> .....	<b>40</b>
CLADISTIC ANALISYS IN GEMINIVIRIDAE: AN EVIDENCE OF MULTISPECIFICITY FOR CULTIVARS HOSTS	
Rafael Trindade Maia Aparecida Yasmim Silva de Azevedo Maria Bartira Chaves de Souza Silva Ana Verônica Silva do Nascimento	
<b>DOI 10.22533/at.ed.1381912025</b>	
<b>CAPÍTULO 6</b> .....	<b>50</b>
DESENVOLVIMENTO DE FRAMEWORK PARA CRIAÇÃO DE MODELOS COMPUTACIONAIS DE CÉLULA COMPLETA	
Frederico Chaves Carvalho Paulo Eduardo Ambrósio	
<b>DOI 10.22533/at.ed.1381912026</b>	
<b>CAPÍTULO 7</b> .....	<b>63</b>
IN-SILICO DETOXIFICATION EVIDENCE OF THE HERBICIDE BISPYRIBAC SODIUM BY A TEORETHICAL MODEL OF GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 5 FROM <i>Oryza sativa</i> L.	
Vinícius Costa Amador Ravenna Lins Rodrigues Felipe de Oliveira França Rafael Trindade Maia	
<b>DOI 10.22533/at.ed.1381912027</b>	
<b>CAPÍTULO 8</b> .....	<b>73</b>
INVESTIGAÇÃO IN SILICO DA EFICÁCIA DE FÁRMACOS ANTIVIRAIS NA INIBIÇÃO DA NS5 DO VÍRUS DA ZIKA	
Henriqueta Monalisa Farias Rafael de Lima Medeiros Franklin de Ferreira Farias Nóbrega Rafael Trindade Maia	
<b>DOI 10.22533/at.ed.1381912028</b>	
<b>SOBRE O ORGANIZADOR</b> .....	<b>85</b>

## CARACTERIZAÇÃO FILOGENÉTICA DA FAMÍLIA MULTIGÊNICA DA H<sup>+</sup>-ATPASE DE MEMBRANA PLASMÁTICA EM MONOCOTILEDÔNEAS DA ORDEM POALES

### **Lyndefânia Melo de Sousa**

Universidade Federal do Ceará, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Laboratório de Genômica Funcional e Bioinformática  
Fortaleza - Ceará

### **Clesivan Pereira dos Santos**

Universidade Federal do Ceará, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Laboratório de Genômica Funcional e Bioinformática  
Fortaleza - Ceará

### **Thais Andrade Germano**

Universidade Federal do Ceará, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Laboratório de Genômica Funcional e Bioinformática  
Fortaleza - Ceará

### **Moacília de Souza Lemos**

Universidade Federal do Ceará, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Laboratório de Genômica Funcional e Bioinformática  
Fortaleza - Ceará

### **Stelamaris de Oliveira Paula**

Universidade Federal do Ceará, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Laboratório de Genômica Funcional e Bioinformática  
Fortaleza - Ceará

### **Rafael de Souza Miranda**

Universidade Federal do Piauí, Departamento de Biologia.  
Bom Jesus – Piauí.

### **José Helio Costa**

Universidade Federal do Ceará, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Laboratório de

Genômica Funcional e Bioinformática  
Fortaleza - Ceará

**RESUMO:** As H<sup>+</sup>-ATPases são proteínas integrais da membrana plasmática que têm a capacidade de utilizar a energia química da hidrólise de ATP para expulsar os prótons para o ambiente extracelular, atuando na manutenção da homeostase iônica e transporte de solutos. O presente trabalho objetivou identificar, caracterizar e analisar a distribuição filogenética da família multigênica H<sup>+</sup>-ATPase de membrana plasmática em monocotiledôneas da ordem Poales. Para este fim, os membros gênicos foram identificados e anotados em espécies *da ordem Poales* através de buscas em bancos de genomas disponíveis no NCBI e *Phytozome*, utilizando a ferramenta BLAST. As sequências foram alinhadas pelo algoritmo MUSCLE e agrupadas pelo método *Neighbor joining*, a partir de 1000 replicatas, através do programa MEGA 7.0. Os resultados revelaram que as sequências continham entre 2 e 21 éxons formando janelas de leitura aberta (ORFs) apresentando entre 2.571 a 3.327 pb e proteínas contendo entre 857 a 976 aminoácidos. A análise filogenética agrupou as sequências em quatro clados distintos identificados como clado I-IV. O clado I, por apresentar apenas uma sequência representativa de cada espécie foi nomeada de

H<sup>+</sup>-ATPase1. Os clados II, III e IV foram nomeadas de H<sup>+</sup>-ATPase2 (2a, 2a1ou 2a2, 2b ou 2b1ou 2b2 e 2c), H<sup>+</sup>-ATPase3 (3a ou 3a1 ou 3a2 , 3b, ou 3b1ou 3b2,ou 3c) e H<sup>+</sup>-ATPase4 (4a ou 4a1ou 4a2 ou 4b) respectivamente, por apresentarem duas ou mais sequências da mesma espécie. Esses resultados fornecem suporte para estudos que visem identificar a função específica de cada membro gênico entre espécies.

**PALAVRAS-CHAVES:** Anotação gênica, caracterização gênica, distribuição filogenética.

**ABSTRACT:** The H<sup>+</sup>-ATPases are integral proteins of the plasma membrane that have the capacity to use the chemical energy of the hydrolysis of ATP to expel the protons to the extracellular environment, acting in the maintenance of ionic homeostasis and transport of solutes. The present work aimed to identify, characterize and analyze the phylogenetic distribution of the multigenic H<sup>+</sup>-ATPase family of plasma membrane in monocotyledons of the order Poales. For this purpose, gene members were identified and annotated in species of the order Poales through searches in genomes database available in the NCBI and Phytozome, using the tool BLAST. The sequences were aligned by the MUSCLE algorithm and grouped by the Neighbor joining method, from 1000 replicates, through the MEGA 7.0 program. The results revealed that the sequences contained between 2 and 21 exons forming open reading frames (ORFs) ranging from 2.571 to 3.327 bp and proteins containing between 857 and 976 amino acids. Phylogenetic analysis grouped the sequences into four distinct clades identified as clade I-IV. Clade I, because it presented only one representative sequence of each species, was named H<sup>+</sup>-ATPase 1. Clades II, III and IV were named as H<sup>+</sup>-ATPase2 (2a, 2a1ou 2a2, 2b ou 2b1ou 2b2 e 2c), H<sup>+</sup>-ATPase3 (3a ou 3a1 ou 3a2 , 3b, ou 3b1ou 3b2,ou 3c) e H<sup>+</sup>-ATPase4 (4a ou 4a1ou 4a2 ou 4b), respectively, as they present two or more sequences of the same species. These results provide support for studies aimed at identifying the specific function of each gene member between species.

**KEYWORDS:** Gene annotation, gene characterization, phylogenetic distribution

## 1 | INTRODUÇÃO

As H<sup>+</sup> -ATPases de membrana plasmática são proteínas integrais que atuam no bombeamento de prótons do citoplasma para o ambiente extracelular utilizando a energia química da hidrólise do ATP gerando força próton motriz que é fundamental para a atividade de um grande grupo de transportadores secundários que movem íons e metabólitos contra gradiente de concentração (PALMGREN, 2001; WDOWIKOWSKA; KLOBUS, 2016). Em plantas, essas bombas de prótons estão relacionadas a diferentes processos fisiológicos tais como, a absorção de nutrientes, a regulação do pH intracelular, a abertura estomática, o crescimento celular e a manutenção da homeostase iônica (PALMGREN, 2001; DUBY; BOUTRY, 2009; TODA *et al.*, 2016; MORSOMME; BOUTRY, 2000). Além disso, as H<sup>+</sup> -ATPases estão associadas a mecanismos de aclimação das plantas a condições de estresse. Estudos conduzidos nas espécies



*Sorghum bicolor*, *Cucumis sativus* e *Aeluropus littoralis* demonstraram um aumento no perfil de expressão gênica dessas H<sup>+</sup>-ATPases quando submetidas a condições de estresse salino e hídrico (MIRANDA *et al.*, 2017; WADOWIKOWSKA; KLOBUS, 2016; OLFATMIRI *et al.*, 2014). Embora essas proteínas apresentem papéis fisiológicos importantes, estudos sobre a sua caracterização gênica e distribuição filogenética ainda são escassos, limitando-se a poucas espécies. Dentre elas destacam-se as eudicotiledôneas *Arabidopsis thaliana* (GAXIOLA *et al.*, 2007; ARANGO *et al.*, 2003; HARPET *et al.*, 1990) e *Cucumis sativus* (WADOWIKOWSKA; KLOBUS, 2016) bem como as monocotiledôneas *Oryza sativa* (BAXTER, 2003) e *Zea mays* (SANTI *et al.*, 2003). Entretanto, nesses estudos não há conexão de nomenclatura e classificação filogenética entre os genes das diferentes espécies. Dessa forma, o presente trabalho objetivou identificar, caracterizar e analisar a distribuição filogenética da família multigênica das H<sup>+</sup>-ATPases de membrana plasmática em monocotiledôneas da ordem Poales a fim de estabelecer uma classificação filogenética dos membros gênicos dentro dessa ordem.

## 2 | MATERIAL E MÉTODOS

### 2.1 Identificação e caracterização dos genes da família multigênica H<sup>+</sup>-ATPase de membrana plasmática.

A identificação dos genes da família multigênica H<sup>+</sup>-ATPase de membrana plasmática foi realizada através da ferramenta BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*) disponível no GenBank do *National Center for Biotechnology Information* (NCBI) (ALTSCHUL *et al.*, 1997). A sequência protéica da H<sup>+</sup>-ATPase de membrana plasmática do arroz (ID: XP\_015620234.1) foi utilizada como referência para a busca de genes homólogos nos genomas das espécies *Aegilops tauschii*; *Brachypodium distachyon*; *Oryza sativa*; *Panicum hallii*; *Leersia perrieri*; *Setaria viridis*; *Zea mays*; *Zoysia japônica* e *Ananas comosus* todas pertencentes a ordem Poales e depositados nos bancos de dados *Whole Genome Shotgun* (WGS), *Refseq representative genomes* do GenBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) e *Phytozome* (<https://phytozome.jgi.doe.gov/pz/portal.html>). Os genes da alga *Chlamydomonas reinhardtii* foram também identificados para serem utilizados como grupo externo. Deve-se ressaltar que das sequências homólogas encontradas apenas as que tiveram identidade acima de 45% foram selecionadas. No processo de identificação, estes genes foram manualmente anotados para a dedução dos cDNAs utilizando como referência as seqüências de mRNA das H<sup>+</sup>-ATPase de membrana plasmática depositadas nos bancos de dados RNA, tais como, *Refseq\_RNA* (*Reference RNAsequence*), *EST* (*Expressed Sequence Tags*) e *TSA* (*Transcriptome Shotgun Assembly*). Em seguida, os cDNAs obtidos foram traduzidos em seqüências de aminoácidos com o auxílio da ferramenta de tradução disponível

no servidor da web EXPASY ([web.expasy.org/translate](http://web.expasy.org/translate)). As proteínas deduzidas foram validadas através da comparação com sequências homólogas, depositadas no banco de proteínas (*Non-redundant*). O processo de anotação foi realizado de acordo com o método proposto por Costa *et al.* (2014), o que também possibilitou a identificação do número de éxons, íntrons e janela de leitura aberta (ORFs).

## 2.2 Alinhamento de sequências e análise filogenética

O alinhamento das proteínas deduzidas, objetivando a análise filogenética, foi realizado através do algoritmo MUSCLE usando o método de agrupamento UPGMA (*Unweighted Pair Group Method using Arithmetic averages*). A análise filogenética foi construída através do método *Neighbor joining*, (SAITOU & NEI, 1987) utilizando como modelo de substituição o *Poisson model*. Além disso, foram usados valores de bootstraps gerados a partir de 1000 replicatas, através do programa MEGA 7.0. (KUMAR *et al.*, 2016).

## 3 | RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 3.1 Identificação e anotação dos genes da H<sup>+</sup>-ATPase de membrana plasmática na ordem Poales.

No presente estudo foram identificadas e anotadas um total de 103 sequências gênicas que codificam bombas de prótons H<sup>+</sup>-ATPase de membrana plasmática da ordem Poales. O número de genes identificados variou de 9 genes nas espécies *Aegilops tauschii* e *Brachypodium distachyon* a 12 genes em *Zea mays* (ver figura 1). A análise dos genomas de *Arabidopsis thaliana* e *Oriza sativa* revelou a presença de pelo menos onze e dez genes, respectivamente, que codificam as proteínas H<sup>+</sup>-ATPase de membrana plasmática (ARANGO *et al.*, 2003; BAXTER *et al.*, 2003), o que corrobora com a quantidade de genes encontrados no presente trabalho. Entretanto, com relação a *Zea mays*, apenas 4 genes haviam sido relatados anteriormente (SANTI *et al.*, 2003), portanto, nosso estudo revela a presença de outros 8 genes no genoma dessa espécie.

A caracterização gênica mostrou que as sequências continham entre 2 e 21 éxons formando janelas de leitura aberta (ORFs) apresentando entre 2.571 a 3.327 pares de base (pb) e proteínas contendo entre 857 a 976 aminoácidos. Resultados semelhantes foram anteriormente demonstrados nas espécies *Oryza Sativa*, *Cucumis sativus* e *Solanum lycopersicum* (ARANGO *et. al.*, 2003; WADOWIKOWSKA; KLOBUS, 2016; LIU *et al.*, 2016). A análise das proteínas deduzidas revelou que o ponto isoelétrico teórico variou de 5.62 a 7.05, enquanto que a massa molecular apresentou valores entre 93,56 a 106,56 kDa reforçando resultados descritos em estudos anteriores (PALMGREEN,2001).

Caracterização gênica								
Família	Tribo	Espécie	Quantidade de genes	Éxons	ORFs (pb)	Número de aminoácidos	Ponto Isoelétrico (PI)	Peso Molecular (kDa)
Poaceae	Oryzae	<i>Oryza sativa</i>	10	03 a 21	2.5.80 a 2.874	859 a 957	5.63 a 6.43	93,76 a 105,53
		<i>Leersia Perriere</i>	10	04 a 21	2.571 a 2.904	859 a 967	5.80 a 6.42	93,76 a 105,86
	Triticeae	<i>Aegilops tauschii</i>	9	03 a 21	2.955 a 3.534	945 a 976	5.62 a 6.5	103,37 a 106,52
	Brachypodieae	<i>Brachypodium distachyon</i>	9	03 a 21	2.841 a 3.327	946 a 976	5.67 a 6.19	103,49 a 106,32
	Andropogoneae	<i>Sorghum bicolor</i>	11	02 a 21	2.574 a 3.195	857 a 974	5.81 a 6.64	93,56 a 106,41
		<i>Zea mays</i>	12	02 a 21	2.574 a 3.597	857 a 972	5.65 a 6.49	93,76 a 106,34
	Paniceae	<i>Setaria viridis</i>	10	02 a 21	2.636 a 3089	871 a 968	5.72 a 6.54	95,02 a 105,74
		<i>Panicum halli</i>	10	03 a 21	2.574 a 2.925	857 a 974	5.68 a 6.46	93,79 a 106,26
	Zoysieae	<i>Zoysia japonica</i>	11	03 a 21	2.853 a 2.874	950 a 956	5.79 a 6.87	103,91 a 105,22
	Bromeleaceae		<i>Ananas comosus</i>	10	12 a 21	2.850 a 3.105	949 a 971	5.86 a 7,05

Figura 1 - Caracterização dos genes da H<sup>+</sup> -ATPase em espécies da ordem Poales.

### 3.2 Análise filogenética

A análise filogenética revelou que as sequências eram distribuídas em quatro clados distintos identificados como clado I-IV. No clado I, as sequências foram nomeadas de H<sup>+</sup> -ATPase1 unicamente, tendo em vista a existência de apenas uma sequência representativa em cada espécie. Já nos clados II, III e IV as sequências foram nomeadas de H<sup>+</sup> -ATPase2 (2a, 2a1 ou 2a2, 2b ou 2b1 ou 2b2 e 2c), H<sup>+</sup> -ATPase3 (3a ou 3a1 ou 3a2, 3b, ou 3b1 ou 3b2, ou 3c) e H<sup>+</sup> -ATPase4 (4a ou 4a1 ou 4a2 ou 4b), respectivamente, por apresentarem duas ou mais sequências representativas na mesma espécie. As espécies *Zea mays*, *Sorghum bicolor* e *Panicum halli* apresentaram proteínas em todos os clados, exceto clado I, indicando que os genes da H<sup>+</sup> -ATPase1 foram deletados na subfamília Panicoideae. Ademais, o maior número de genes nos clados II, III e IV sugere possíveis processos de duplicação. Nesse sentido, a espécie *Ananas comosus* apresentou genes duplicados em todos os clados citados anteriormente.

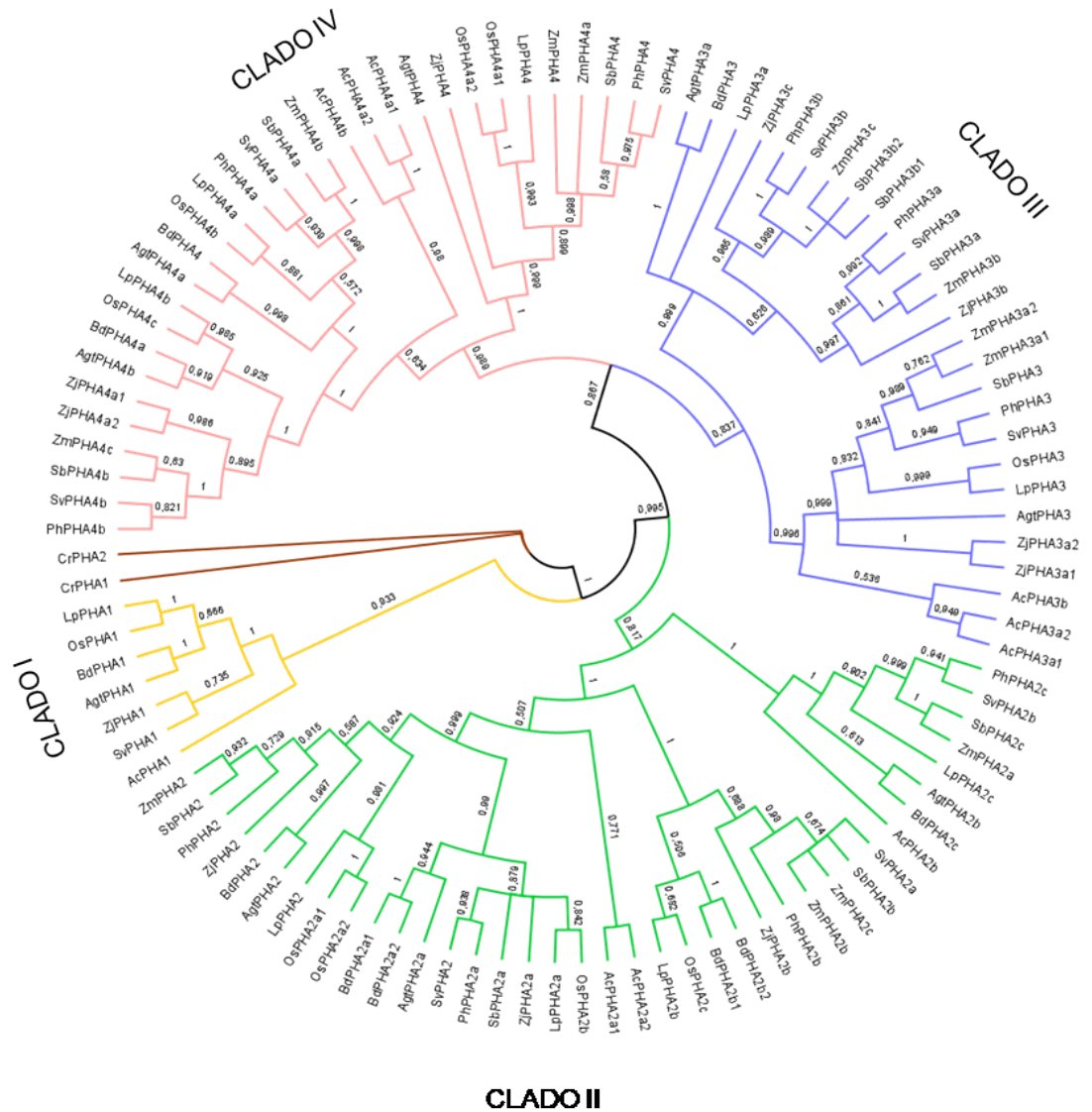


Figura 2. Análise filogenética da  $H^+$ -ATPase. As sequências proteicas das  $H^+$ -ATPase foram agrupadas em quatro clados distintos nomeados de I a IV. As cores, amarelo, verde, azul e rosa foram utilizadas no processo de identificação dos clados I, II, III e IV respectivamente. A cor marrom foi utilizada para identificar a alga *Chlamydomonas reinhardtii* utilizada como grupo EXTERNO.

#### 4 | CONCLUSÃO

A análise da caracterização gênica e da distribuição filogenética dos membros da família multigênica  $H^+$ -ATPase na ordem Poales fornece uma classificação confiável dentro do grupo das monocotiledôneas, possibilitando a identificação de genes ortólogos. Esta classificação dará suporte a estudos que visem identificar a função específica de cada membro gênico entre espécies.

## REFERENCIAS

- ALTSCHUL, S. F.; MADDEN, T. L.; SCHÄFFER, A. A.; ZHANG, J.; ZHANG, Z.; MILLER, W.; LIPMAN, D. J. Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. **Nucleic acids research**, v. 25, p. 3389-3402, 1997.
- ARANGO, M.; GEVAUDANT, F.; OUFATTOLE, M.; BOUTRY, M. The plasma membrane proton pump ATPase: the significance of gene subfamilies. **Planta**, v. 216, p. 355–365, 2003.
- BAXTER, I.; TCHIEU, J.; SUSSMAN, M.; BOUTRY, M.; PALMGREN, M.; GRIBSKOV, M.; HARPER, J.; AXELSEN, K. Genomic comparison of P-type ATPase ion pumps in Arabidopsis and rice. **Plant Physiology**, v. 132, p. 618-828, 2003.
- COSTA, J. H.; MCDONALD, A. E.; ARNHOLDT-SCHMITT, B.; MELO, D. F. A classification scheme for alternative oxidases reveals the taxonomic distribution and evolutionary history of the enzyme in angiosperms. **Mitochondrion**, v. 19, p. 172-183, 2014.
- DUBY, G.; BOUTRY, M. The plant plasma membrane proton pump ATPase: a highly regulated P-type ATPase with multiple physiological roles. **Pflügers Archiv**, v. 457, p. 645-55, 2009.
- GAXIOLA, R. A.; PALMGREN, M. G.; SCHUMACHER, K. Plant proton pumps. **FEBS Letters**, v. 581, p. 2204-2214, 2007.
- HARPER, J. F.; MANNEY, L.; DEWITT, N. D.; YOO, M. H.; SUSSMAN, M. R. The Arabidopsis thaliana plasma membrane H<sup>+</sup>-ATPase multigene family. Genomic sequence and expression of a third isoform. **Journal of Biological Chemistry**, v. 265, p. 13601-13608, 1990.
- KUMAR, S.; STECHER, G.; TAMURA, K. MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. **Molecular biology and evolution**, v. 33, p. 1870-1874, 2016.
- LIU, J.; LIU, J.; CHEN, A.; JI, M.; CHEN, J.; YANG, X.; GU, M.; QU, H.; XU, G. Analysis of tomato plasma membrane H<sup>+</sup>-ATPase gene family suggests a mycorrhiza-mediated regulatory mechanism conserved in diverse plant species. **Mycorrhiza**, v. 26, p. 645-656, 2016.
- MIRANDA, R.S.; MESQUITA, R.O.; COSTA, J.H.; ALVAREZ-PIZARRO, J.C.; PRISCO, J.T.; GOMES-FILHO, E. Integrative Control Between Proton Pumps and SOS1 Antiporters in Roots is Crucial for Maintaining Low Na<sup>+</sup> Accumulation and Salt Tolerance in Ammonium-Supplied Sorghum bicolor. **Plant and Cell Physiology**, v. 58, p. 522-536, 2017.
- MORSOMME, P.; BOUTRY, M. The plant plasma membrane H<sup>+</sup>-ATPase: structure, function and regulation. **Biochimica et Biophysica Acta**, v. 1465, p. 1-16, 2000.
- OLFATMIRI, H.; ALEMZADEH, A.; ZAKIPOUR, Z. Up-regulation of plasma membrane H<sup>+</sup>-ATPase under salt stress may enable *Aeluropus litoralis* to cope with stress. **Molecular Biology Research Communications**, v. 3, p. 67-75, 2014.
- PALMGREN, M. Plant plasma membrane H<sup>+</sup>-ATPase: powerhouse for nutrient uptake. **Annual review of plant physiology and plant molecular biology**, v. 52, p. 817–845, 2001.
- SAITOU, N.; NEI, M. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. **Molecular biology and evolution**, v. 4, p. 406-425, 1987.
- SANTI, S.; LOCCI, G.; MONTE, R.; PINTON, R.; VARANINI, Z. Induction of nitrate uptake in maize roots: expression of a putative high affinity nitrate transporter and plasma membrane H<sup>+</sup>-ATPase isoforms. **Journal of Experimental Botany**, v. 54, p.1851-1864, 2003.



TODA, Y.; WANG, Y.; TAKAHASHI, A.; KAWAI, Y.; TADA, Y.; YAMAJI, N.; FENG, M.A.J.; ASHIKARI, M.; KINOSHITA, T. *Oryza sativa* H<sup>+</sup>-ATPase (OSA) is involved in the regulation of dumbbell-shaped guard cells of rice. **Plant and Cell Physiology**, v. 57, p. 1220-1230, 2016.

WDOWIKOWSKA, A.; KLOBUS, G. The plasma membrane proton pump gene family in cucumber. **Acta physiologiae plantarum**, v. 38, p. 135-145, 2016.

## **SOBRE O ORGANIZADOR**

**ERNANE ROSA MARTINS** Doutorado em andamento em Ciência da Informação com ênfase em Sistemas, Tecnologias e Gestão da Informação, na Universidade Fernando Pessoa, em Porto/Portugal. Mestre em Engenharia de Produção e Sistemas pela PUC-Goiás, possui Pós-Graduação em Tecnologia em Gestão da Informação pela Anhanguera, Graduação em Ciência da Computação pela Anhanguera e Graduação em Sistemas de Informação pela Uni Evangélica. Atualmente é Professor de Informática do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Goiás - IFG (Câmpus Luziânia), ministrando disciplinas nas áreas de Engenharia de Software, Desenvolvimento de Sistemas, Linguagens de Programação, Banco de Dados e Gestão em Tecnologia da Informação. Pesquisador do Núcleo de Inovação, Tecnologia e Educação (NITE).

Agência Brasileira do ISBN  
ISBN 978-85-7247-113-8

