REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/10/2026 - **Accepted:** 04/11/2026
Vol: 13.23
DOI: 10.66104/50mt6g58
Pages: 1-18

DESVENDANDO AS FAMÍLIAS DE GENES DE SUPERÓXIDO DISMUTASE (SOD) NA MANDIOCA: ASPECTOS ESTRUTURAIS E EVOLUTIVOS REVELADOS POR ANÁLISES *IN SILICO*

UNVEILING THE SUPEROXIDE DISMUTASE (SOD) GENE FAMILIES IN CASSAVA: STRUCTURAL AND EVOLUTIONARY ASPECTS REVEALED BY IN SILICO ANALYSES

DESVELANDO LAS FAMILIAS DE GENES DE LA SUPERÓXIDO DISMUTASA (SOD) EN LA YUCA: ASPECTOS ESTRUCTURALES Y EVOLUTIVOS REVELADOS MEDIANTE ANÁLISIS IN SILICO.

Rafael da Silva Paiva
Mestre, Universidade Federal do Pará (UFPA), Brasil
E-mail: paivarrafael@gmail.com

Aline Medeiros Lima
Doutora, Universidade Federal Rural da Amazônia (UFRA), Brasil
E-mail: aline.ufra.br

Resumo

Este artigo tem como objetivo geral identificar e caracterizar *in silico*, famílias de genes de superóxido dismutase na mandioca. Para a metodologia do trabalho utilizou as sequências de DNA e proteicas obtidas no programa *Phytosome*. Em relação à similaridade com proteínas de outras espécies de vegetais, foi utilizada a ferramenta *BLAST*. Posteriormente, o alinhamento das sequências de nucleotídeos e aminoácidos foi realizado com o auxílio do programa *CLUSTALW*. Para análise filogenética foi realizada utilizando o software Molecular *Evolutionly Genetics Analysis*, usando o método *Neighbor-Joining*. Os resultados mostram que o processo biológico está relacionado com o processo de redução e oxidação sendo está também a sua função molecular. Além disso, foi possível observar a presença do peptídeo sinal.

Palavras-chave: Análise de sequências; Genética; Mandioca

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/10/2026 - **Accepted:** 04/11/2026
Vol: 13.23
DOI: 10.66104/50mt6g58
Pages: 1-18

Abstract

This article aims to identify and characterize, in silico, superoxide dismutase gene families in cassava. The methodology used DNA and protein sequences obtained from the Phytosome program. The BLAST tool was used to assess similarity to proteins from other plant species. Subsequently, nucleotide and amino acid sequence alignment was performed using the CLUSTALW program. Phylogenetic analysis was conducted using the Molecular Evolutionary Genetics Analysis software, employing the Neighbor-Joining method. The results show that the biological process is related to reduction and oxidation, which is also its molecular function. Furthermore, the presence of a signal peptide was observed.

Keywords: Sequence analysis; Genetics; Cassava

Resumen

Este artículo tiene como objetivo identificar y caracterizar, in silico, las familias de genes de superóxido dismutasa en la yuca. La metodología empleada utilizó secuencias de ADN y proteínas obtenidas del programa Phytosome. Se utilizó la herramienta BLAST para evaluar la similitud con proteínas de otras especies vegetales. Posteriormente, se realizó el alineamiento de secuencias de nucleótidos y aminoácidos mediante el programa CLUSTALW. El análisis filogenético se llevó a cabo utilizando el software Molecular Evolutionary Genetics Analysis, empleando el método Neighbor-Joining. Los resultados muestran que el proceso biológico está relacionado con la reducción y la oxidación, que también constituye su función molecular. Además, se observó la presencia de un péptido señal.

Palabras clave: Análisis de secuencias; Genética; Yuca

1. INTRODUÇÃO

Devido à sua imobilidade, as plantas evoluíram estratégias que permitiram um crescimento flexível sem prejudicar as funções celulares essenciais. Isso ocorreu em resposta à influência gradual de elementos bióticos e abióticos ao longo do tempo. No entanto, a sobrevivência dessas plantas está intrinsecamente ligada à sua capacidade de se adaptarem ao estresse, que funciona como um fator de seleção (Rojas et al., 2014; Isah, 2019).

A capacidade das plantas de resistir aos agentes patogênicos pode ser categorizada em três tipos distintos, dependendo de como elas respondem aos ataques. A resistência por não-hospedeiro ocorre quando as plantas não são suscetíveis ao patógeno em questão, tornando-se imunes à sua infecção. Este é

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/10/2026 - **Accepted:** 04/11/2026
Vol: 13.23
DOI: 10.66104/50mt6g58
Pages: 1-18

considerado o tipo mais eficiente e duradouro de imunidade vegetal, envolvendo diversos mecanismos de defesa, tais como barreiras físicas ou químicas e respostas ativas à invasão. A resistência verdadeira, por outro lado, é determinada geneticamente pela presença de genes de resistência nas plantas, que as capacita a reconhecer e combater os genes virulentos do patógeno, prevenindo a infecção (Agrios, 2005; Rojas et al., 2014).

Este tipo de resistência pode ser dividido em resistência quantitativa e qualitativa, dependendo dos mecanismos envolvidos. Por fim, a resistência aparente ocorre quando as plantas conseguem evitar ou tolerar a infecção pelo patógeno, por diversos motivos, como falta de reconhecimento químico entre a planta e o agente patogênico, ou ainda devido à capacidade da planta de se defender contra o patógeno. Esses diferentes tipos de resistência das plantas são cruciais para protegê-las contra os ataques de agentes patogênicos, envolvendo uma variedade de respostas físicas, químicas e genéticas (Agrios, 2005; Rojas et al., 2014).

Ao longo do curso da evolução as plantas adquiriram mecanismos específicos que possibilitaram que pudessem se adaptar e sobreviver a estresses nesse sentido, a exposição de plantas a tais fatores induz uma interrupção no metabolismo vegetal, implicando em custos fisiológicos (Heil e Bostock, 2002; Swarbrick, Schulze e Scholes, 2006). A adaptação e a resistência traduzem-se por alterações no metabolismo da célula vegetal, entre elas a síntese de proteínas de defesa, expressas por genes específicos (Bolton, 2009; Massad, Dyer e Vega, 2012).

Essas proteínas desempenham diversos papéis cruciais na capacidade de resistência e sobrevivência das plantas. Elas podem atuar tanto diretamente, combatendo o agressor, quanto indiretamente, ao manter a estrutura e as funções celulares, o que é fundamental para a sobrevivência do vegetal. Consequentemente, quando as plantas percebem sinais de estresse, ativam moléculas específicas que ajudam a protegê-las e a aumentar sua resistência (Mysore, Ryu, 2004; Jones e Dangl, 2006; Rejeb, Pastor e Mani, 2014).

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/10/2026 - **Accepted:** 04/11/2026
Vol: 13.23
DOI: 10.66104/50mt6g58
Pages: 1-18

A mandioca, cientificamente conhecida como Manihot esculenta Crantz, é classificada como uma Eudicotiledônea, pertencente à ordem Malpighiales e à família das Euphorbiaceae. É um arbusto nativo do Brasil, amplamente cultivado por pequenos produtores como cultura de subsistência devido à sua capacidade de tolerar solos pobres e condições climáticas adversas. É comumente plantada em diversos sistemas de produção agrícola (Cordeiro et al., 2013).

É uma cultura alimentar de grande importância, amplamente cultivada devido ao seu elevado teor energético nas raízes, sendo uma fonte vital de alimento para milhões de pessoas em todo o mundo. Apesar de ter uma variedade de aplicações, as raízes que possuem dimensões favoráveis, em termos de comprimento e diâmetro, são frequentemente direcionadas para o comércio fresco. Além disso, a mandioca é comercializada em diversas formas para uso culinário, incluindo raízes refrigeradas, congeladas, pré-cozidas, na forma de "chips", minimamente processadas e torradas. Este artigo discute a importância da mandioca como uma cultura alimentar versátil e destaca as diferentes formas em que é comercializada e utilizada na alimentação humana (Saravanan et al., 2016; Schoffel et al., 2023).

Dependendo das condições do cultivo pode ser colhida entre 6 a 24 meses, sendo que nos trópicos úmidos as raízes podem ser colhidas entre 6 a 7 meses após o seu plantio. Todavia, nas regiões com grandes períodos de frio ou seca os agricultores fazem a colheita após 18 a 24 meses (Alves et al., 1990).

A mandioca é uma planta perene, ou seja, apresenta um crescimento indefinido, alterando os seus períodos de crescimento vegetativo, armazenando carboidrato nas raízes. Conhecida pelo cultivo em ambientes caracterizados pela restrição de recursos hídricos, nutricionais e físicos do solo, a mandioca é responsiva em ambientes com maior nível tecnológico empregado e o sistema de cultivo influencia caracteres morfológicos e produtivos (Araújo et al., 2018; Lima, et al., 2018).

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/10/2026 - **Accepted:** 04/11/2026
Vol: 13.23
DOI: 10.66104/50mt6g58
Pages: 1-18

Dentre as doenças que afetam a mandioca pode-se notar que a podridão radicular é uma das principais doenças que acometem a cultura, ela é causada por patógenos dentre os quais se destaca os fungos Phytophthora spp. e Fusarium spp. Que afetam principalmente as raízes tuberosas e o colo das plantas, comprometendo a sua sobrevivência, pois interfere na absorção de água e nutrientes prejudicando o crescimento da planta podendo ocasionar perdas de até 60% da produção das raízes em cultivos de mandioca na várzea (Fukuda, 1991; Massola, Bedendo, 2005; Polido et al., 2014)

Podendo deduzir que se vêm tornando uma doença de alto impacto econômico e social no Brasil provocando uma perda na produtividade além de inutilizar as áreas para o plantio ao longo dos ciclos da cultura em diversas regiões do Brasil (Notaro et al., 2013; Almeida e Albuquerque, 2015).

Diante da importância da mandioca é fundamental estudar os seus mecanismos de defesa visto que, eles contribuem para a sua sobrevivência auxiliando para a sua disseminação. Cabe pontuar que, pela falta de mobilidade e de um sistema imunológico como nos animais as plantas temporalmente tiveram que desenvolver os seus próprios mecanismos de defesa em que na qual cada célula irá possuir tanto a capacidade defensiva induzida quanto pré-formada. Um dos mecanismos de defesa das plantas são as enzimas dentre as quais se destaca o Superóxido Dismutase, que está relacionada com a oxidação na célula (Rizzardi et al., 2003).

As proteínas que pertencem à família do superóxido dismutase são as principais enzimas antioxidantes envolvidas na metabolização de O2. Esta família em vegetais é constituída por dois membros que são o superóxido dismutase com cobre e zinco (Cu/Zn-SOD) encontrada em estruturas de plantas como no estroma dos cloroplastos, e a enzima com manganês e Ferro (Mn-SOD) e a (Fe-SOD) são encontradas tantos em células eucarióticas quanto em procarióticas, na matriz mitocondrial (Miao e Clair, 2009; Mallick e Mohn, 2000)

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/10/2026 - **Accepted:** 04/11/2026
Vol: 13.23
DOI: 10.66104/50mt6g58
Pages: 1-18

O superóxido dismutase apresenta um papel importante na ajuda e eliminação dos radicais livres. Assim como o peróxido de hidrogênio que é altamente tóxico para as células (Albrecht et al., 2009).

Cabe ressaltar que, a enzima SOD é considerada a primeira linha de defesa com os danos, causado pelas espécies reativas de oxigênio (EROs) a enzima atua dismutando o oxigênio em peróxido de hidrogênio. Vale ser pontuado que, as respostas bioquímicas constituem um dos principais mecanismos de defesa contra várias categorias de estresses, um desses mecanismos é a superprodução de espécies reativas de oxigênio controlada por sistemas antioxidantes (Alscher, Erturk e Heath, 2002).

A enzima superóxido dismutase funciona de maneira eficiente desintoxicando a EROs. Por esse motivo, pode ser uma ferramenta valiosa em programas de melhoramento genético de plantas que buscam aumentar sua defesa contra possíveis patógenos por está diretamente relacionado com o metabolismo vegetal (Polido et al., 2014).

Esta enzima antioxidante atua sobre o estresse oxidativo causado por vários fatores bióticos e abióticos que inclui a salinidade, patógenos, atividade de herbicida dentre outros e estes processos afetam os fatores bioquímicos, fisiológicos, de desenvolvimento e estruturais em plantas individuais e comunidades de plantas (Waśkiewicz, Beszterda e Goliński, 2014).

À vista disso, o conhecimento sobre os mecanismos oxidativos nas plantas pode auxiliar para o desenvolvimento de plantas mais adaptadas ao meio em que vivem e resistentes a patógenos. Nesse sentido, o estudo da expressão gênica dessas enzimas pode direcionar a pesquisa de interação entre os fungos e a mandioca a fim de possibilitar o entendimento do mecanismo de tolerância desta planta (Caverzan, Casassola e Brammer, 2016).

Deste modo, para o melhor entendimento dessa interação planta-patógeno, este artigo tem como objetivo realizar caracterização e organização dos genes de superóxido dismutase que está presente na mandioca para uma melhor

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/10/2026 - **Accepted:** 04/11/2026
Vol: 13.23
DOI: 10.66104/50mt6g58
Pages: 1-18

interpretação dos dados fazendo assim com que se possam analisar como estas enzimas se expressam no vegetal participando da sua defesa. Pois, a caracterização de sequências gênicas expressas em resposta à infecção é essencial, assim como a identificação de genes envolvidos na defesa da planta contra os patógenos. As plantas coordenam informações derivadas de diversos sinais externos e internos de maneira assegurarem o controle apropriado da expressão gênica sob condições ótimas ou estresse. É imprescindível o estudo de mecanismos que auxiliem nessa resistência e no aprimoramento a fatores bióticos e abióticos que interferem no condicionamento das plantas (Callegari, 2020; Leite et al., 2020; Nomura et al., 2021).

2. METODOLOGIA

As sequências genômicas, DNA e proteica dos genes da enzima de superóxido dismutase na mandioca foram obtidas por meio das ferramentas de busca disponível no Phytozome (http://www.phytozome.net/cassava) que é um banco de dados para a consulta de genes vegetais. A busca foi realizada utilizando a palavra-chave “Superóxido Dismutase”. E o nome da espécie vegetal neste caso Manihot esculenta.

Em seguida, as sequências proteicas foram inseridas nos programas InterPro Scan (https://www.ebi.ac.uk/interpro) e CDD (Conserveded Domains Database; www.ncbi.nlm.nig.gov/cdd) para que sejam avaliadas quanto à presença dos domínios conservados e outras características relacionadas a sua função (Hunter et al., 2008; Marchler-bauer et al., 2010).

Em relação à similaridade com proteínas de outras espécies de vegetais depositadas nos bancos de dados, foi utilizada a ferramenta BLAST (www.blast.ncbi.nlm.nig.gov). Neste banco de dados é possível inserir tanto a sequência proteica quanto de nucleotídeos (Altschul et al., 1997).

Posteriormente, o alinhamento das sequências de nucleotídeos e aminoácidos foi realizado com o auxílio do programa CLUSTALW utilizando os parâmetros padrões (Thompson et al., 1994).

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/10/2026 - **Accepted:** 04/11/2026
Vol: 13.23
DOI: 10.66104/50mt6g58
Pages: 1-18

Os programas SignalP v.2.0 (http:// www.cbs.dtu.dk/services/SignalP), e o Web Phobius prediction (http://phobius.sbc.su.se/cgi-bin/predict) foram utilizados para identificar se há peptídeo sinal nas sequências proteicas dos genes das três enzimas. Além disso, a estrutura tridimensional da sequência de aminoácidos localizada com o auxílio pelo programa SWISS-MODEL (Nielsen e Krogh, 1998).

O peso molecular e o ponto isoelétrico das sequências de aminoácidos deduzida foram previstos pelo servidor ExPASy Proteomics Server (http://ca.expasy.org/tools/pi_tool.html). Em seguida, a localização subcelular foi obtida utilizando SherLoc2 e o sistema Y Loc (Blum, Briesemesiter e Kohlbacher, 2009).

Para análise filogenética foi realizada utilizando o software Molecular Evolutionly Genetics Analysis (MEGA), versão 7.0, usando o método Neighbor-Joining.

Após esta análise foi produzido uma árvore filogenética correspondentes às sequências de nucleotídeos dos genes encontrados da mandioca e de outras espécies vegetais. As sequências de outras espécies foram obtidas por meio da ferramenta BLAST (Kumar, Tsai e Nussinov, 2000).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As sequências genômicas e proteicas da família de genes de superóxido dismutase na mandioca podem ser analisadas no Quadro 1 apresentando respectivamente as seguintes sequências genômicas, números de aminoácidos (aa), Gene e Locus de cada gene.

Quadro 1 - Identificação dos genes quanto aos números de aminoácidos e genoma

Gene	Sequência Genômica	Nº de Aminoácidos	Genes	Locus
Superóxido Dismutase (SOD)	MeSD1	233	3517	Manes.07G140 500.1
	MeSD2	272	2636	Manes.06G129 100.1

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/10/2026 - **Accepted:** 04/11/2026
Vol: 13.23
DOI: 10.66104/50mt6g58
Pages: 1-18

	MeSD3	159	3424	Manes.08G145300.1
	MeSD4	347	5092	Manes.01G062000.1
	MeSD5	278	5351	Manes.04G064500.1
	MeSD6	152	3800	Manes.08G125400.1
	MeSD7	152	3126	Manes.09G160400.1
	MeSD8	235	6398	Manes.10G000300.1
	MeSD9	325	3280	Manes.02G028800.1

Fonte: elaborado pelos autores (2026).

Os genes do superóxido dismutase quando analisados no programa InterPro, foi possível observar o processo biológico na qual estará relacionado com o procedimento de redução e oxidação sendo está também a sua função molecular. Ao verificar as sequências proteicas no programa Web Phobius prediction, foi possível identificar a presença do peptídeo sinal nas sequências MeSD4, MeSD5 e MeSD8.

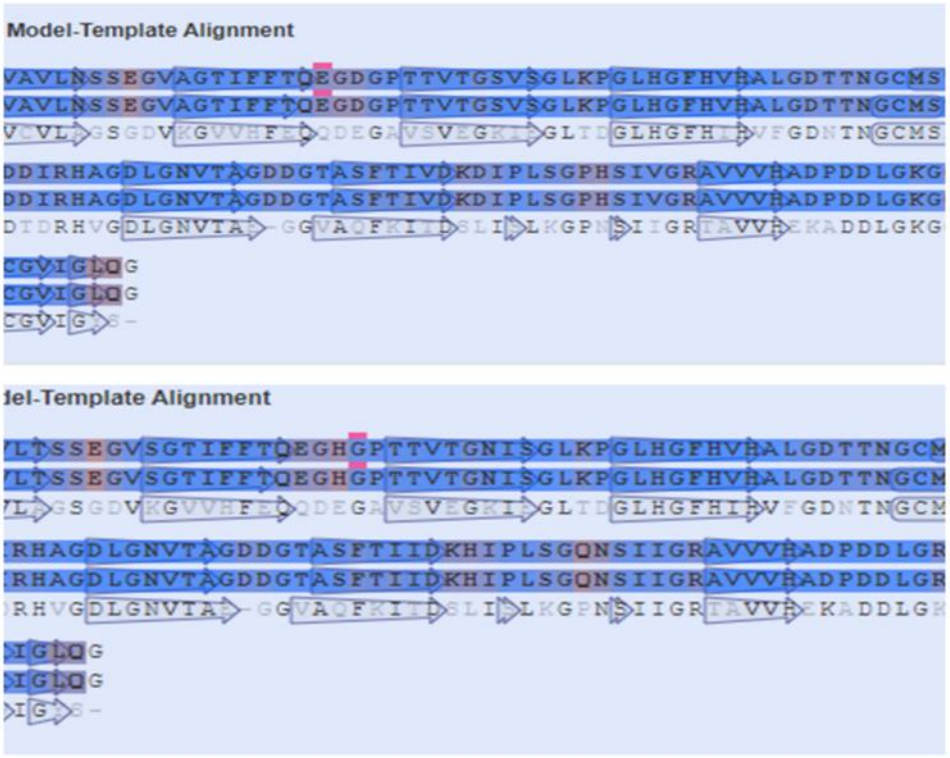
A sua presença ou ausência influencia a função biológica de uma proteína sendo um fator determinante da sua localização subcelular. É notório que o programa Phobius prediction demonstra eficiência nos seus resultados por fornecer um meio fácil e preciso para prever peptídeo sinal (Käll, Krogh e Sonnhammer, 2007).

Embora o MeSD6 e MeSD7 apresentem a mesma quantidade de aminoácidos identificados no Quadro 1 e também por possuírem basicamente estruturas tridimensionais bem próximas. Realizando uma análise mais especifica é possível notar suas diferenças, pois quando se observa a sua análise qualitativa de energia modelo das sequências proteicas dos dois genes pode se notar que o MeSD6 apresenta 0.90 e o MeSD7 1.17. O programa SWISS-MODEL fornece um recurso chamado alinhamento modelo-modelo no qual é possível observar com detalhes a sequência podendo ser identificada a diferença dos dois genes na Figura 1.

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/10/2026 - **Accepted:** 04/11/2026
Vol: 13.23
DOI: 10.66104/50mt6g58
Pages: 1-18

Figura 1 - Alinhamento modelo-modelo dos genes MeSD6 e MeSD7.



Fonte: elaborado pelos autores (2026).

Em relação à similaridade com outras espécies de vegetais depositadas no banco de dados do BLAST foi possível identificar que o gene MeSD1 apresentou uma similaridade de 80,78% com a Hevea brasiliensis. O gene MeSD2 apresentou uma similaridade de 86,17% com as sequências de Coffea arabica. O gene MeSD3 apresentou similaridade de 93,02% com o Populus tremuloides que é uma espécie de arvore caducifólia (Schinkel, Hertzaberg e Wingsle, 2001).

O gene MeSD4 apresentou uma similaridade de 94% com a espécie do vegetal Linum usitatissinum. O gene MeSD5 apresentou uma similaridade de 77,69% com o Solanum pennellii que é uma espécie de tomate. O mesmo gene apresentou uma similaridade de 86,36% com a espécie Kandelia obovata que é uma planta de mangue. Cabe pontuar que, a expressão de membros da família SOD em plantas é regulada reciprocamente em resposta a vários estresses abióticos (Bolger et al., 2014; Pan et al., 2019).

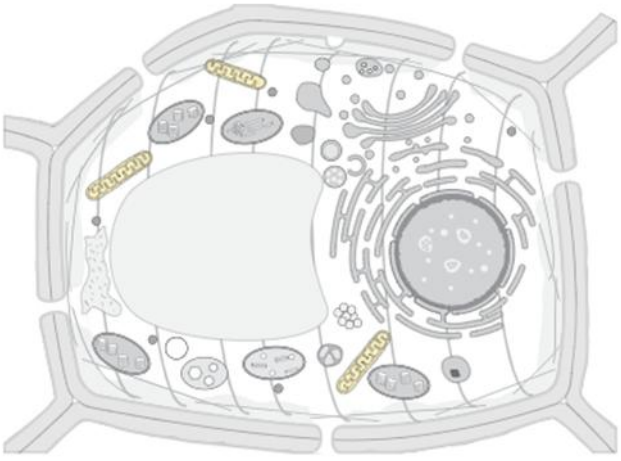
REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/10/2026 - **Accepted:** 04/11/2026
Vol: 13.23
DOI: 10.66104/50mt6g58
Pages: 1-18

Além disso, a previsão da localização subcelular se tornou uma alternativa fundamental para os métodos de experimentos demorados, no entanto, muitos preditores que são utilizados para apresentar a localização subcelular apresentam desvantagens em relação à interpretabilidade e o fato de não mostrarem uma estimativa de confiança de uma previsão individual. Nesse contexto, o YLoc é um servidor Web interpretável para prever a localização subcelular usa uma linguagem natural para explicar como que uma previsão foi feita e qual propriedade biológica da proteína. Além disso, YLoc estima a confiabilidade de suas próprias previsões. Diante disso, o YLoc se mostra uma ferramenta interessante para auxiliar na compreensão da localização de proteínas (Briesemeister et al., 2010).

Analisando a sequência proteica do gene MeSD1 foi possível identificar com o uso o YLoc que a localização prevista foi na mitocôndria com uma probabilidade de 85,1% tendo uma confiança normal de 0,76% de que essa previsão é confiável. Além disso, com uma informação adicional é capaz de saber qual proteína é mais semelhante que nesse caso foi a proteína de Swiss-Prot 42.0 com a maior identidade de sequência local.

Figura 2 - Representação da mitocôndria na célula vegetal.



Fonte: elaborado pelos autores (2026).

A mitocôndria é uma estrutura intracelular responsável por transformar a energia dos alimentos em energia útil e transportável às células. Assim sendo, as mitocôndrias são consideradas como fonte primária de ATP (Adenosina trifosfato),

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/10/2026 - **Accepted:** 04/11/2026
Vol: 13.23
DOI: 10.66104/50mt6g58
Pages: 1-18

são fundamentais para a vida de células eucarióticas (Pereira et al., 2012).

O gene MeSD2 apresentou a localização no cloroplasto com uma probabilidade de 92,3%. Tendo uma confiança normal 0,63% de que essa previsão é confiável. Os cloroplastos são organelas encontradas em seres fotossintéticos possuindo alguns pigmentos e é o local onde ocorre a fotossíntese O MeSD3 quando analisado no YLoc apresentou estar presente no cloroplasto também com uma probabilidade de 80,9% apresentando uma confiança normal de 0,36 de que essa previsão é confiável (Moreira, 2015).

Cabe pontuar que, analisando a sequência do gene MeSD4 foi possível notar que está presente no núcleo com uma probabilidade de 60,13% possuindo uma confiança pequena de 0,07%. O núcleo é uma estrutura celular que é evolvido por duas membranas concêntricas que foram o envelope nuclear e nele contem moléculas de DNA (Alberts et al., 2006).

A sequência de genes do MeSD5 está localizada no cloroplasto com uma probabilidade de 93,9%. Assim sendo, tendo uma confiança normal 0,64% de que essa previsão é confiável. No mais a sequência de genes do MeSD6 apresentou estar localizada na mitocôndria com uma probabilidade de 60,4%. O YLoc mostrou que tem uma pequena confiança de 0,25% de que essa previsão é confiável.

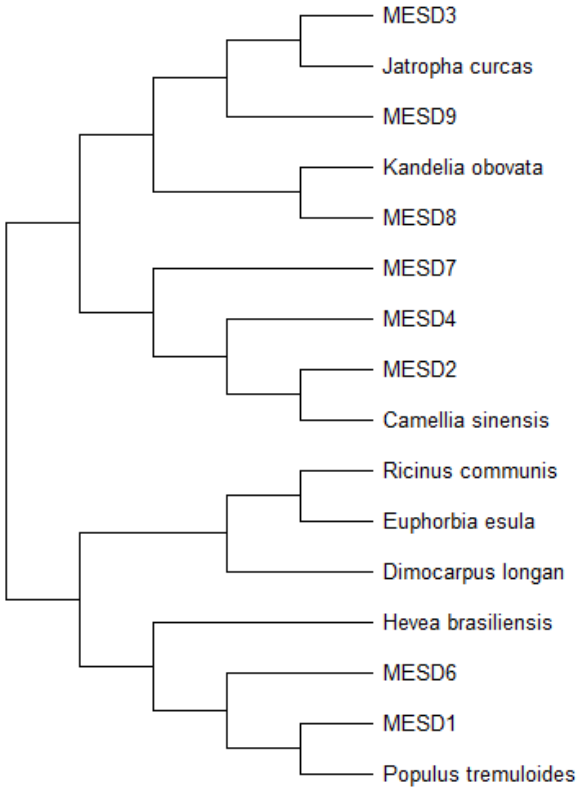
O YLoc previu que a sequência do gene MeSD7 indicando que a ela está localizada no cloroplasto com uma probabilidade de 49,5%. Tendo uma pequena confiança 0,15% de que essa previsão é confiável. A sequência proteica do gene MeSD8 apresentou uma probabilidade de 81% de ser localizada na mitocôndria possuindo uma confiança normal de 0,35%.

E por fim, a sequência proteica do gene MeSD9 possui uma probabilidade de estar localizada no cloroplasto com 88,24% de chance, obtendo uma confiança normal de 0,59%.

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/10/2026 - **Accepted:** 04/11/2026
Vol: 13.23
DOI: 10.66104/50mt6g58
Pages: 1-18

Figura 3 - Análise filogenética das sequências de nucleotídeos do Superóxido Dismutase.



Fonte: elaborado pelos autores (2026).

Analisando a árvore filogenética das sequências de DNA dos genes Superóxido dismutase na mandioca é possível notar que o MeSD1 é próximo filogeneticamente da espécie Populus tremuloides enquanto que MeSD2 possui uma similaridade com a Camellia sinensis. Cabe destacar que a espécie Kandelia obovata é próxima do MeSD8. Vale ressaltar a relação Ricinus communis e a Euphorbia esula.

4. CONCLUSÃO

Este trabalho fornece uma análise detalhada dos genes da família de Superóxido Dismutase (SOD) na mandioca, destacando sua importância funcional, características estruturais, similaridades com outras espécies vegetais e previsões de localização subcelular.

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/10/2026 - **Accepted:** 04/11/2026
Vol: 13.23
DOI: 10.66104/50mt6g58
Pages: 1-18

As análises genômicas e proteicas revelaram a presença de sequências relacionadas com o processo biológico de redução e oxidação, indicando a função molecular desses genes. Além disso, a identificação do peptídeo sinal em algumas sequências proteicas sugere a influência na função biológica e na localização subcelular das proteínas SOD.

A comparação com outras espécies vegetais por meio do BLAST revelou diferentes graus de similaridade entre os genes da mandioca e genes de espécies relacionadas, fornecendo insights sobre sua evolução e possíveis funções conservadas.

As previsões de localização subcelular realizadas pelo servidor YLoc permitiram uma compreensão mais aprofundada sobre a distribuição das proteínas SOD dentro das células da mandioca. Essa informação é crucial para entender como essas proteínas desempenham suas funções e interagem com outros componentes celulares.

Além disso, a análise filogenética das sequências de DNA dos genes da SOD na mandioca proporcionou uma visão sobre sua relação evolutiva com outras espécies vegetais, contribuindo para o entendimento da diversidade genética e evolutiva dessa família de genes.

Em conclusão, este trabalho fornece uma base sólida para futuras investigações sobre a função e evolução dos genes da família SOD na mandioca, bem como seu potencial para melhoramento genético visando aumentar a resistência a estresses bióticos e abióticos nesta cultura de importância econômica e alimentar significativa.

Referências

AGRIOS, George N. Plant pathology. Elsevier, 2005.

ALBERTS, Bruce et al. Fundamentos da Biologia Celular-4. Artmed Editora, 2006.

ALBRECHT, Leandro Paiola et al. Aplicação de biorregulador na produtividade do algodoeiro e qualidade de fibra. Scientia Agraria, v. 10, n. 3, p. 191-198, 2009.

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/10/2026 - **Accepted:** 04/11/2026
Vol: 13.23
DOI: 10.66104/50mt6g58
Pages: 1-18

Alscher RG, Erturk N, Heath LS. Role of superoxide dismutases (SODs) in controlling oxidative stress in plants. Journal of Experimental Botany, 53:1331–1341, 2002.

ALTSCHUL, S. F.; MADDEN, TL, SHAFFER AA, ZHANG J, ZANGH Z, MILLER W, LIPMAN DJ. Gapped Blast and PSI-Blast a new generation of protein database search programs. Nucleic Acids Res., v.25, p. 3389-3402, 1997.

ALVES, Alfredo Augusto Cunha et al. Fisiologia da mandioca. EMBRAPA-CNPMF, 1990

ARAÚJO, Júlio Cesar Reis et al. Resposta da mandioca a diferentes tipos de preparo do solo. Pubvet, v. 12, p. 138, 2018.

BLUM, Torsten; BRIESEMEISTER, Sebastian; KOHLBACHER, Oliver. MultiLoc2: integrating phylogeny and Gene Ontology terms improves subcellular protein localization prediction. BMC bioinformatics, v. 10, n. 1, p. 274, 2009.

BOLGER, Anthony et al. The genome of the stress-tolerant wild tomato species Solanum pennellii. Nature genetics, v. 46, n. 9, p. 1034-1038, 2014.

BOLTON, MV Metabolismo primário e defesa vegetal - Combustível para o fogo. Mol. Plant Microbe Interact. 2009 , 22 , 487–497.

BRIESEMEISTER, Sebastian; RAHNENFÏ¿ ½HRER, Jï¿ ½rg; KOHLBACHER, Oliver. YLoc—an interpretable web server for predicting subcellular localization. Nucleic acids research, v. 38, n. suppl_2, p. W497-W502, 2010.

CALLEGARI, Daihany Moraes. Expressão de genes de catalase e speróxido dismutase da mandioca durante interação com Phytopythium sp. 2020. Tese de Doutorado. UFRA.

CAVERZAN, A.; CASASSOLA, A.; BRAMMER, S. P. Reactive oxygen species and antioxidant enzymes involved in plant tolerance to stress. In: SHANKER, A. (Ed.). Abiotic and Biotic Stress in Plants. IntechOpen, 2016. p. 463-479

CORDEIRO, I. et al. Manihot In: Lista de Espécies da Flora do Brasil. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. 2013.

DE ALMEIDA, C. O.; DE ALBUQUERQUE, A. F. A. Impacto econômico de pesquisa da Embrapa com variedade de mandioca resistente à podridão radicular. 2015.

DE LIMA, Alandionys Gonçalves et al. Produtividade de mandioca avaliada sobre adubação fosfatada e a adubação de cobertura. Pubvet, v. 12, p. 133, 2018.

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/10/2026 - **Accepted:** 04/11/2026
Vol: 13.23
DOI: 10.66104/50mt6g58
Pages: 1-18

FUKUDA, C. Podridão das raízes da mandioca. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura (Embrapa Mandioca e Fruticultura. Mandioca em Foco, 08), 1991

HEIL, Martin; BOSTOCK, Richard M. Induced systemic resistance (ISR) against pathogens in the context of induced plant defences. Annals of botany, v. 89, n. 5, p. 503-512, 2002.

HUNTER, S.; APWEILER, R.; ATTWOOD, T. K.; BAIROCH, A.; BATEMAN, A.; BINNS, D.; … FINN, R. D. InterPro: the integrative protein signature database. Nucleic acids research, v. 37(suppl_1), D211-D215, 2008.

ISAH, Tasiu. Stress and defense responses in plant secondary metabolites production. Biological research, v. 52, 2019.

JONES, J. D. & DANGL, J. L. 2006. The plant immune system. Nature, 444: 323-329.

KÄLL, Lukas; KROGH, Anders; SONNHAMMER, Erik LL. Advantages of combined transmembrane topology and signal peptide prediction—the Phobius web server. Nucleic acids research, v. 35, n. suppl_2, p. W429-W432, 2007.

KUMAR, Sandeep; TSAI, Chung-Jung; NUSSINOV, Ruth. Factors enhancing protein thermostability. Protein engineering, v. 13, n. 3, p. 179-191, 2000.

LEITE, Natanielle de Oliveira Gomes et al. Influências das interações Patógeno-Hospedeiro-Meio Ambiente nas funções Biológicas das plantas. Research, Society and Development, v. 9, n. 10, p. e469108126-e469108126, 2020.

Mallick N, Mohn FH. Reactive oxygen species: response of alga cells. Journal of Plant Physiology, 157:183-193, 2000

MARCHLER-BAUER, A.; LU, S.; ANDERSON, J. B.; CHITSAZ, F.; DERBYSEQRE, M. K.; DEWEESE-SCOTT, C.; ... GWADZ, M. CDD: a Conserved Domain Database for the functional annotation of proteins. Nucleic acids research, v. 39(suppl_l), D225 D229, 2010.

MASSAD, TJ; DYER, LA; VEGA, CG Custo de defesa e um teste das hipóteses de equilíbrio carbono-nutriente e equilíbrio de diferenciação de crescimento para duas classes coocorrentes de defesa de planta. PLoS One 2012, 7, e7554

MASSOLA, N. S.; BEDENDO, I. P. Doenças da Mandioca. In:. KIMATI, H., AMORIM,L.,REZENDE, J.A.M., BERGAMIN FILHO, A, CAMARGO, L.E.A.

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/10/2026 - **Accepted:** 04/11/2026
Vol: 13.23
DOI: 10.66104/50mt6g58
Pages: 1-18

(Eds).Manual de Fitopatologia; Doenças das Plantas Cultivadas. 4a. Ed. São Paulo:Ceres. v. 2, p. 449-455, 2005.

MIAO, Lu; CLAIR, Daret K. St. Regulation of superoxide dismutase genes: implications in disease. Free Radical Biology and Medicine, v. 47, n. 4, p. 344-356, 2009.

MOREIRA, Catarina. Cloroplasto. Revista de Ciência Elementar, v. 3, n. 3, 2015.

MYSORE, K.S. & RYU, C. 2004. Nonhost resistance: how much do we know? Trends in Plant Science, 9(2): 97-104

NIELSEN, H.; KROGH, A. Prediction of signal peptides and signal anchors by a hidden Markov model. Proc Int Conf Intell Syst. Molecular Biology, v. 6, p. 122–130, 1998.

NOMURA, RBG et al. Novos aspectos da interação Pratylenchus brachyurus-soja baseados na predição das proteínas-alvo no hospedeiro. XVI Jornada Acadêmica da Embrapa Soja, v. 86001, p. 86, 2021.

NOTARO, Krystal Alcantara et al. Prospecção de fitopatógenos associados á podridão radicular da mandioca em Pernambuco, Brasil=. Bioscience Journal, v. 29, n. 6, 2013.

PAN, Chenglang et al. Identification of Cadmium-responsive Kandelia obovata SOD family genes and response to Cd toxicity. Environmental and Experimental Botany, v. 162, p. 230-238, 2019.

PEREIRA, Lilian Cristina et al. Mitocôndria como alvo para avaliação de toxicidade de xenobiótico. Revista Brasileira de Toxicologia, v. 25, n. 1-2, p. 1-14, 2012.

POLIDO, Sandra Yamile et al. Espécies reativas de oxigênio e a enzima Superóxido Dismutase como defesa das plantas contra o estresse hídrico 2014.

POLIDO, Sandra Yamile et al. Espécies reativas de oxigênio e a enzima Superóxido Dismutase como defesa das plantas contra o estresse hídrico 2014.

REJEB, Ines Ben; PASTOR, Victoria; MAUCH-MANI, Brigitte. Plant responses to simultaneous biotic and abiotic stress: molecular mechanisms. Plants, v. 3, n. 4, p. 458-475, 2014.

RIZZARDI, Mauro Antônio et al. Ação de herbicidas sobre mecanismos de defesa das plantas aos patógenos. Ciência rural. Santa Maria. Vol. 33, n. 5 (set./out. 2003), p. 957-965, 2003.

REMUNOM
ISSN 2178-6925

Received: 13/10/2026 - **Accepted:** 04/11/2026
Vol: 13.23
DOI: 10.66104/50mt6g58
Pages: 1-18

ROJAS, Clemencia M. et al. Regulation of primary plant metabolism during plant-pathogen interactions and its contribution to plant defense. Frontiers in plant science, v. 5, p. 17, 2014.

SARAVANAN, R. A. J. U. et al. Post-harvest physiological deterioration of cassava (Manihot esculenta)–A review. Indian J. Agric. Sci, v. 86, n. 11, p. 1383-1390, 2016.

SCHINKEL, Helga; HERTZBERG, Magnus; WINGSLE, Gunnar. A small family of novel CuZn-superoxide dismutases with high isoelectric points in hybrid aspen. Planta, v. 213, n. 2, p. 272-279, 2001.

SCHOFFEL, André et al. Correlação canônica e amostragem para estimação da média em caracteres agronômicos da mandioca. Revista em Agronegócio e Meio Ambiente, v. 16, n. 3, p. 1-14, 2023.

SWARBRICK, PJ; SCHULZE-LEFERT, P.; SCHOLES, JD Consequências metabólicas da suscetibilidade e resistência em folhas de cevada desafiadas com oídio. Plant Cell Environ. 2006 , 29 , 1061–1076

THOMPSON, J. D.; HIGGINS, D. G.; GIBSON, T. J. CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. Nucleic Acids Research, v. 22, p.4673–4680, 1994.

WAŚKIEWICZ, Agnieszka; BESZTERDA, Monika; GOLIŃSKI, Piotr. Nonenzymatic antioxidants in plants. In: Oxidative damage to plants. Academic Press, 2014. p. 201-234.