



BRUNO DE OLIVEIRA GARCIA

**DESENVOLVIMENTO DE VARIEDADE DE CANA-DE-
AÇÚCAR (*Saccharum spp.*) GENETICAMENTE MODIFICADA
PARA CONTROLE PÓS-TRANSCRICIONAL DA ENZIMA
POLIFENOL OXIDASE (PPO)**

**LAVRAS-MG
2023**

BRUNO DE OLIVEIRA GARCIA

**DESENVOLVIMENTO DE VARIEDADE DE CANA-DE-AÇÚCAR (*Saccharum spp.*)
GENETICAMENTE MODIFICADA PARA CONTROLE PÓS-TRANSCRICIONAL
DA ENZIMA POLIFENOL OXIDASE (PPO)**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia Vegetal, área de concentração em Biotecnologia Vegetal, para obtenção do título de Doutor.

Professor: Dr. Luciano Vilela Paiva
Orientador

Pesquisador: Dr. Hugo Bruno Correa Molinari
Coorientador

**LAVRAS-MG
2023**

Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca
Universitária da UFLA, com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).

Garcia, Bruno de Oliveira.

DESENVOLVIMENTO DE VARIEDADE DE CANA-DE-
AÇÚCAR (*Saccharum* spp.) GENETICAMENTE
MODIFICADA PARA CONTROLE PÓS-TRANSCRICIONAL
DA ENZIMA POLIFENOL OXIDASE (PPO) / Bruno de Oliveira
Garcia. - 2022.

183 p. : il.

Orientador(a): Dr. Luciano Vilela Paiva.

Coorientador(a): Dr. Hugo Bruno Correia Molinari.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Lavras, 2022.

Bibliografia.

1. Transformação Genética de Plantas. 2. Escurecimento
Enzimático. 3. Polifenol Oxidase. I. Paiva, Dr. Luciano Vilela. II.
Molinari, Dr. Hugo Bruno Correia. III. Título.

BRUNO DE OLIVEIRA GARCIA

**DESENVOLVIMENTO DE VARIEDADE DE CANA-DE-AÇÚCAR (*Saccharum spp.*)
GENETICAMENTE MODIFICADA PARA CONTROLE PÓS-TRANSCRICIONAL
DA ENZIMA POLIFENOL OXIDASE (PPO)**

**DEVELOPMENT OF SUGARCANE VARIETY (*Saccharum spp.*) GENETICALLY
MODIFIED FOR POST-TRANSCRIPTIONAL CONTROL OF THE ENZYME
POLYPHENOL OXIDASE (PPO)**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia Vegetal, área de concentração em Biotecnologia Vegetal, para obtenção do título de Doutor.

Aprovado em 09 de dezembro de 2022

Dr. Adilson Kenji Kobayashi (Embrapa Agroenergia)

Dr. Rodrigo da Rocha Fragoso (Embrapa Agroenergia)

Dra. Kalynka Gabriella do Livramento (UFLA)

Professor: Dr. Luciano Vilela Paiva
Orientador

Pesquisador: Dr. Hugo Bruno Correa Molinari
Coorientador

**LAVRAS-MG
2023**

Aos meus professores e orientadores, que foram guias em todo meu processo de formação.

Em especial a Dr. Elisangela Elena Nunes Carvalho.

A minha companheira, Gisela, e ao meu filho Francisco.

Dedico.

AGRADECIMENTOS

Agradeço ao sistema público de ensino do Brasil, que apesar de suas deficiências, ainda é o melhor recurso para que jovens carentes possam percorrer o caminho do conhecimento, sendo capaz de formar Doutores (as)(xs), sendo capaz de mudar o cenário social de exclusão do brasileiro.

À minha família, Gilberto, Sebastiana, Thaís, Arthur e Felipe.

Aos meus queridos amigos: Danilo, Juliana, Iasminy, Kauanne, Thiago, Fernanda, Fabricio (Poeta), Paula, Ana Claudia, Luana e Clara.

À Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), por ceder as dependências e laboratórios para o desenvolvimento da pesquisa que deu origem a essa tese.

À Universidade Federal do Tocantins, onde iniciei minha formação.

À Universidade Federal de Lavras, por sua excelência em ensino e pesquisa.

Ao programa de pós-graduação em Biotecnologia Vegetal

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal do Nível Superior (CAPES), pelo apoio financeiro.

Muito Obrigado!

"Quando se nasce pobre, ser estudioso é o maior ato de rebeldia contra o sistema"

Autor desconhecido

RESUMO

A cana-de-açúcar é a principal matéria-prima para a produção de açúcar e cerca de 80% do açúcar produzido no mundo é proveniente dessa cultura agrícola. O escurecimento enzimático pós-processamento do caldo de cana causado pela Polifenol Oxidase (PPO) pode prejudicar a produção de açúcar, exigindo mais etapas de clarificação para produzir o açúcar branco. A ação enzimática da PPO causa a perda de componentes benéficos à saúde, como os compostos fenólicos. Esses compostos agregam propriedades nutricionais desejáveis a alguns tipos de açúcar, como o demerara e o mascavo. O escurecimento enzimático pela PPO, pode ser superado por meio do melhoramento genético, criando novas variedades transgênicas por meio de técnicas como o RNAi, que controla a transcrição dos genes PPO. Este estudo avaliou o perfil metabólico de PPO e a atividade enzimática de quatro variedades de cana-de-açúcar: RB92579, RB07818, RB951541 e SP791011. Em três seções do colmo (terço superior, terço médio e terço inferior) foi avaliado o perfil metabólico de cada variedade, com a enzima em sua forma ativada e na presença de um inibidor enzimático para detectar quais compostos foram consumidos. A variedade RB92579 apresentou suco com escurecimento superior a 70% quando comparado as demais variedades, e diferiu das demais variedades qualitativa e quantitativamente em sua composição, apresentando maior concentração de compostos fenólicos, substratos de PPO. As variedades RB07818, RB951541 e SP791011 não apresentaram diferenças significativas em seu perfil metabólico. A atividade enzimática variou de acordo com o perfil metabólico e tecido analisado, sendo possível avaliar em todas as variedades que o terço superior apresentou maior atividade enzimática PPO. RB07818, RB951541 e SP791011 possuem suco mais leve e menor concentração de compostos que são substratos do PPO, também o escurecimento não está majoritariamente ligado à ação enzimática desta enzima. Uma vez caracterizada a atividade enzimática de todas as variedades, foi realizada uma busca no genoma da variedade SP80-3280 por candidatos ao gene PPO. Vinte e seis candidatos foram detectados, e aquele com maior expressão foi selecionado como alvo para controle transcricional baseado na técnica de RNAi. Duas variedades foram transformadas: i) SP80-3280 devido ao seu genoma sequenciado e protocolo de transformação bem estabelecido, e ii) RB92579 que apresenta alta atividade de PPO. Vinte e nove eventos transformados foram obtidos para a variedade SP80-3280, enquanto as plantas transformadas RB92579 não se regeneraram satisfatoriamente, apresentando desenvolvimento lento e estagnado da parte aérea e ausência de raízes. Este fenômeno pode ser atribuído à expressão do controle PPO, uma vez que os controles de transformação se desenvolveram morfológicamente como esperado; no entanto, análises adicionais precisam ser realizadas para verificação. Os eventos obtidos para a variedade SP80-3280 mostraram resistência ao agente seletor glufosinato de amônio e possível controle pós-transcricional dos genes PPO. Este estudo possibilitou compreender a ação da PPO em diferentes variedades de cana-de-açúcar, além de avançar no desenvolvimento de técnicas de biotecnologia vegetal, como o RNAi, para o controle do escurecimento enzimático, o que pode reduzir os custos de produção e preservar a qualidade nutricional do açúcar.

Palavras-Chave: Escurecimento Enzimático. Polifenol Oxidase. Perfil Metabólico. RNAi. Transformação Genética.

ABSTRACT

Sugarcane is the main raw material to produce sugar and around 80% of the sugar produced worldwide comes from this agricultural crop. Post-processing enzymatic browning of sugarcane juice caused by Polyphenol Oxidase (PPO) can impair sugar production, requiring more clarification steps to produce white sugar. The PPO enzymatic action causes the loss of health-beneficial components, such as phenolic compounds. These compounds add desirable nutritional properties to some types of sugar, such as demerara and brown sugar, since phenolic compounds are substrates for this enzyme. This industrial problem can be overcome through genetic improvement, creating new transgenic varieties using techniques like RNAi, aiming to control the transcription of PPO genes. This study evaluated the PPO metabolic profile and enzymatic activity of four sugarcane varieties: RB92579, RB07818, RB951541, and SP791011. In three sections of the culm (upper third, middle third, and lower third) the metabolic profile was evaluated with the enzyme in its activated form and in the presence of an enzyme inhibitor to detect which compounds were consumed. The RB92579 variety showed juice darkening greater than 70% darker, and also differed from the other varieties qualitatively and quantitatively in its composition, showing a higher concentration of phenolic compounds, PPO substrates. RB07818, RB951541, and SP791011 varieties did not show significant differences in their metabolic profile. Enzymatic activity varied according to the metabolic profile and analyzed tissue, and it was possible to assess in all varieties that the upper third had higher PPO enzymatic activity. RB07818, RB951541, and SP791011 have lighter juice and lower concentration of compounds that are PPO substrates, also the browning is not majorly connected to the enzymatic action of this enzyme. Once the enzymatic activity of all varieties was characterized, a search was carried out in the SP80-3280 varietal genome for PPO gene candidates. Twenty-six candidates were detected, and the one with the highest expression was selected as a target for transcriptional control based on RNAi technique. Two varieties were transformed: i) SP80-3280 due to its sequenced genome and well-established transformation protocol, and ii) RB92579 which shows high PPO activity. Twenty-nine transformed events were obtained for the SP80-3280 variety, while the RB92579 transformed plants did not regenerate satisfactorily, showing slow and stagnant shoot development and root absence. This phenomenon can be attributed to the PPO control expression since the transformation controls developed as expected morphologically; however, further analyses need to be carried out for verification. The obtained events for the SP80-3280 variety showed resistance to the selector agent, glufosinate ammonium, and possible post-transcriptional control of PPO genes. This study made it possible to understand factors that influence PPO action in different sugarcane varieties, in addition to advancing the development of plant biotechnology techniques, such as RNAi, for the control of enzymatic browning, which can reduce production costs and preserve the nutritional quality of sugar.

Keywords: Browning. Polyphenol oxidase. Metabolic Profile. RNAi. Genetic transformation.

SUMÁRIO

| | |
|---|----|
| CAPÍTULO 1: REFERENCIAL TEÓRICO..... | 13 |
| 1 INTRODUÇÃO..... | 13 |
| 2 REFERENCIAL TEÓRICO..... | 15 |
| 2.1 A cana-de-açúcar..... | 15 |
| 2.2 A cana-de-açúcar no Brasil: Aspectos históricos e econômicos..... | 17 |
| 2.3 O processo de produção de açúcar..... | 19 |
| 2.4 Tipos de açúcar produzidos comercialmente no Brasil..... | 19 |
| 2.5 Clarificação na produção de açúcar..... | 20 |
| 2.6 O escurecimento enzimático em vegetais..... | 21 |
| 2.7 PPO e POD: função fisiológica, e sua influência na formação de compostos causadores do escurecimento..... | 22 |
| 2.8 Localização celular da PPO e POD: Como o escurecimento enzimático pós-processamento pode ser influenciado pela localização celular das enzimas..... | 24 |
| 2.9 PPOs no genoma de cana-de-açúcar..... | 25 |
| 2.10 PPO em cana-de-açúcar..... | 26 |
| 2.11 Impacto econômico da PPO na produção de açúcar..... | 27 |
| 2.12 Programas de melhoramento de cana-de-açúcar..... | 28 |
| 2.13 Tecnologia de RNAi no melhoramento genética de plantas..... | 30 |
| 2.14 Cultura de tecidos vegetais para cana-de-açúcar..... | 34 |
| 2.15 Biotecnologia aplicada ao controle do escurecimento enzimático..... | 34 |
| REFERÊNCIAS..... | 38 |
| CAPÍTULO 2: INFLUÊNCIA DO PERFIL METABÓLICO DO CALDO DE CANA-DE-AÇÚCAR (<i>Saccharum</i> spp.) NO ESCURECIMENTO ENZIMÁTICO EM DIFERENTES VARIEDADES..... | 47 |
| Resumo..... | 47 |
| 3 INTRODUÇÃO..... | 47 |
| 4 MATERIAL E MÉTODOS..... | 50 |

| | |
|--|----|
| 4.1 Coleta e Preparação de Material Vegetal | 50 |
| 4.2 Extração de caldo de cana para análises bioquímicas e metabolômicas | 50 |
| 4.3 Coloração ICUMSA | 50 |
| 4.4 Efeito do pH, Concentração do substrato e Temperatura..... | 51 |
| 4.5 Ensaio de atividade da PPO..... | 51 |
| 4.6 Ensaio de atividade da POD | 52 |
| 4.7 Inibição seletiva na atividade da PPO e POD..... | 52 |
| 4.8 Efeito do ácido ascórbico na atividade da PPO e POD | 52 |
| 4.9 Análise do efeito do PPO e POD no escurecimento..... | 52 |
| 4.10 Extração de compostos fenólicos de amostras de caldo de cana..... | 53 |
| 4.11 Preparação de extratos de caldo de cana para análise por LC-DAD-HRMS e LC DAD-MS/MS..... | 54 |
| 4.12 Análise dos extratos por LC-DAD-HRMS e LC-DAD-MS/MS..... | 54 |
| 4.13 Processamento de dados e análise multivariada | 55 |
| 5 RESULTADOS | 56 |
| 5.1 Coloração do Caldo | 56 |
| 5.2 Perfil metabólico de amostras de caldo de cana por LC-DAD-HRMS e LC-DAD-MS/MS | 58 |
| 5.2 Atividade enzimática | 62 |
| 6 DISCUSSÃO | 66 |
| 7 CONCLUSÕES | 69 |
| REFERÊNCIAS | 70 |
| CAPÍTULO 3: CONTROLE PÓS-TRANSCRICIONAL DA POLIFENOL OXIDASE POR RNAi VISANDO A REDUÇÃO DO ESCURECIMENTO ENZIMÁTICO PÓS-PROCESSAMENTO..... | 73 |
| Resumo | 73 |
| 8 INTRODUÇÃO..... | 73 |
| 9 MATERIAL E MÉTODOS..... | 77 |

| | |
|--|-----|
| 9.1 Anotação da família gênica da Polifenol Oxidase (PPO) em cana-de-açúcar e expressão diferencial das PPOs | 77 |
| 9.2 Análises filogenéticas da família PPO e <i>Gene Ontology</i> | 79 |
| 9.3 Construção do vetor para silenciamento da PPO por RNAi..... | 79 |
| 9.4 Preparo dos explantes e indução dos calos | 80 |
| 9.5 Transformação da Agrobactéria | 81 |
| 9.6 Transformação de cana-de-açúcar mediada por <i>A. tumefaciens</i> | 81 |
| 9.7 Seleção dos eventos de cana-de-açúcar transformados | 83 |
| 10 RESULTADOS | 83 |
| 10.1 Genes candidatos PPOs encontrados no genoma da variedade SP80-3280 | 83 |
| 10.2 Transformação da variedade SP80-3280..... | 87 |
| 10.3 Transformação da variedade RB92579 | 89 |
| 11. DISCUSSÃO | 95 |
| 12. CONSIDERAÇÕES FINAIS | 98 |
| 13. PERSPECTIVAS FUTURAS | 99 |
| REFERÊNCIAS | 100 |
| Apêndice 01 | 105 |
| Apêndice 02..... | 118 |

CAPÍTULO 1: REFERENCIAL TEÓRICO

1 INTRODUÇÃO

A cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) é a principal matéria-prima para a produção de açúcar, cerca de 80% de todo o açúcar produzido mundialmente provém desta cultura agrícola (VERMA et al., 2022). A produção do açúcar branco inclui por uma série de etapas influenciadas diretamente pelas características da matéria-prima (HONIG, 2013). Entre as etapas de produção afetadas pela qualidade da matéria-prima podemos considerar a etapa de clarificação, processo pelo qual os compostos que conferem a coloração escura são retirados do caldo. A eficácia desse processo influencia diretamente a qualidade do produto final, na pureza do açúcar branco (Riffer, 1988). O escurecimento pode ser causado pela ação enzimática da polifenol oxidase (PPO) (EC 1.10.3.1) e enzimas correlatas como as peroxidases (POD) (EC 1.11.1.7) (SINGH et al., 2018). Industrialmente a ação desta enzima é investigada devidos aos danos pós-colheita causados em produtos vegetais pelo processamento ou danos aos tecidos, que geram o escurecimento (SINGH et al., 2018). Em cana-de-açúcar o escurecimento enzimático pode causar perdas de produção por reduzir a produção de cristais de sacarose, além de onerar o custo da etapa de clarificação para produção de açúcar branco (MANOHAR et al., 2014; VICKERS et al., 2005)

O escurecimento do caldo de cana-de-açúcar é atribuído em sua maior parte ao escurecimento enzimático causado pela ação das PPOs (BUCHELI et al, 1994; SINGH et al., 2018; VICKERS et al., 2005). As PPOs são enzimas classificadas como oxidorreductases que possuem em seu centro ativo dois íons de cobre ligados a seis resíduos de histidina (JUKANTI, 2017). Estas enzimas utilizam como substrato compostos fenólicos em *o*-quinonas na presença de oxigênio. As *o*-quinomas são altamente reativas e por meio de uma reação não enzimática se polimerizam com aminoácidos formando as melaninas, composto que confere coloração escura ao caldo de cana-de-açúcar (BUCHELI et al., 1994; TARANTO et al., 2017). Fisiologicamente a participação das PPOs em vegetais estão relacionados a respostas a estresse bióticos e abióticos (JUKANTI, 2017; MAYER, 2006).

As PPOs estão localizadas em sua forma ativa na membrana dos tilacóides dos cloroplastos e em outros plastídios (RICHARD-FORGET et al., 1994; VAUGHN, LAX, VAUGHN, et al., 1988), enquanto os substratos estão localizados nos vacúolos

(VAUGHN et al., 1988). Devido a compartimentalização estrutural entre as PPOs, seus substratos fenólicos e seu acceptor de eletros, o O₂, em condições industriais de processamento, o escurecimento enzimático só ocorre após o rompimento da matriz celular vegetal, quando a PPO se encontra no mesmo local que seu substrato fenólico, na presença de oxigênio (VAMOS-VIGYÁZÓ, 1981; YORUK et al., 2003). A ação da PPO em cana-de-açúcar pode variar em função da variedade, do tecido analisado e da idade da planta (BUCHELI et al., 1996)

As PPOs fazem parte de uma família gênica encontrada na maioria dos vegetais e embora apresentem variações estruturais em função da espécie, possuem elementos conservados que permitem sua identificação (TRAN et al., 2012). Em cana-de-açúcar a primeira sequência de PPO foi identificada através de anticorpos policlonais (BUCHELI et al., 1996), devido à complexidade do genoma da cana-de-açúcar a busca por famílias gênicas é um procedimento que requer grande acurácia e conhecimento estrutural do gene alvo (THIRUGNANASAMBANDAM et al., 2018). Com a evolução das técnicas de sequenciamento, o genoma da cana-de-açúcar pode ser sequenciado com maior qualidade, possibilitando o estudo de famílias gênicas de interesse para este organismo (SOUZA et al., 2019).

Embora o melhoramento convencional da cana-de-açúcar tenha alcançado grandes avanços tecnológico, o uso de técnicas de biotecnologia vegetal pode favorecer o desenvolvimento da cultura, atendendo a demandas de produção agrônomicas e industriais (BABU et al., 2021). Por meio de técnicas como RNAi, o controle pós-transcricional da PPO pode reduzir significativamente o impacto do escurecimento pós-processamento do caldo de cana-de-açúcar. Essa técnica foi utilizada com sucesso para outras culturas comerciais como o da batata (*Solanum tuberosum* L) e maçã (*Malus domestica*) (ARMSTRONG et al., 2013; CHI et al., 2014). Deste modo, o controle do escurecimento enzimático causado pela PPO pode ser uma alternativa para o desenvolvimento da cultura, a fim de atender demandas industriais de produção de açúcar branco.

Este trabalho teve como objetivo avaliar a ação da PPOs em variedades de cana-de-açúcar, em diferentes partes do colmo. Analisando qual a dinâmica de ação da PPO em função da variedade, perfil metabólico de fenóis em diferentes tecidos. A família gênica da PPO em cana-de-açúcar foi avaliada no genoma da variedade SP80-3280, além da análise de transcriptoma a fim de desenhar uma estratégia para o controle da expressão gênica da PPO em cana-de-açúcar por meio da técnica de RNAi.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 A cana-de-açúcar

A cana-de-açúcar foi descrita pela primeira vez por Linnaeus em 1753, em seu livro *Species Plantarum*, a descrevendo como pertencente ao gênero *Saccharum*, nome genérico derivado da palavra grega “sakcharon, que significa “açúcar” e foi latinizado por Linnaeus (DILLON et al., 2007).

As espécies do gênero *Saccharum* foram envolvidas no desenvolvimento de variedades modernas de cana-de-açúcar usadas na agroindústria, que são híbridos interespecíficos que recebem o nome de *Saccharum* spp. Essas variedades híbridas são provenientes do cruzamento entre as espécies *Saccharum officinarum* e *Saccharum spontaneum*, originárias do sudoeste Asiático (Dillon et al., 2007). A classificação botânica corrente da cana-de-açúcar está descrita na Tabela 2.1.

Tabela 2.1 Classificação botânica da Cana-de-Açúcar.

| Classificação botânica da Cana-de-Açúcar | |
|--|--|
| Ordem: | Poales |
| Família: | Poaceae |
| Subfamília: | Panicoideae |
| Grupo: | Andropogoneae |
| Subgrupo: | Saccharinae |
| Gênero: | <i>Saccharum</i> |
| Espécies: | <i>Saccharum officinarum</i> ; <i>Saccharum spontaneum</i> ; <i>Saccharum sinense</i> ; <i>Saccharum barberi</i> ; <i>Saccharum robustum</i> . |

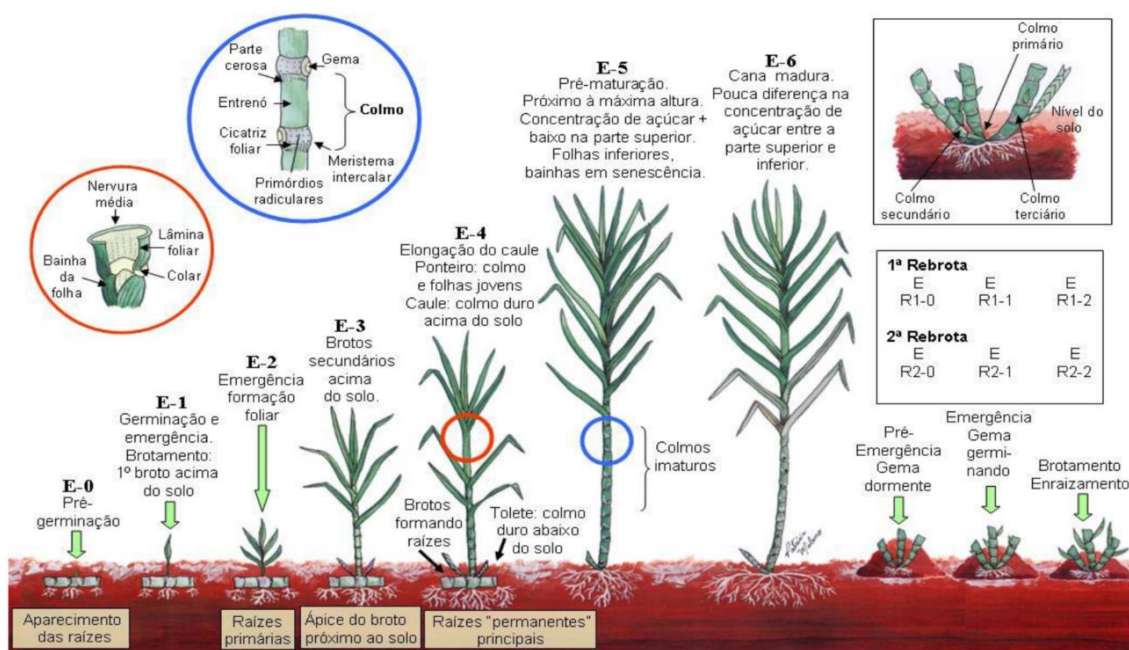
Fonte: Adaptado de Cheavegatti-Gianotto et al., 2011

As variedades de cana-de-açúcar são gramíneas com metabolismo fotossintético C4, semiperenes que formam colmos capazes de armazenar grandes concentração de sacarose (CHEAVEGATTI-GIANOTTO et al., 2011). O sistema radicular é composto por raízes adventícias e permanentes. O caule ou colmo consiste em nós e entrenós, e a morfologia do caule é variável em função do genótipo. No nó há uma cicatriz foliar, uma gema axilar e uma faixa circunferencial de primórdios radiculares axilares. As folhas são alternadas e presas ao caule, com uma folha por entrenó (MOORE, 1987) (FIGURA 2.1).

A cana-de-açúcar passa por seis estádios fenológicos até a sua maturação, fase em que há maior acúmulo de sacarose e uniformidade na distribuição entre o terço superior, terço médio e terço inferior do colmo. Com o processo de amadurecimento, a cana-de-açúcar passa por alterações metabólicas, e o teor de sacarose aumenta, enquanto os teores de glicose e frutose diminuem (Moore et al., 2013). A cana-de-açúcar sofre variações em sua composição química em função das condições edafoclimáticas, manejo cultural, variedade utilizada e do estágio de maturação (COUTINHO et al., 2016).

Comercialmente, a cana-de-açúcar é propagada de forma vegetativa e seu ciclo produtivo pode durar de 12 meses, sendo denominada cana-planta ano, ou 18 meses, chamada de cana-planta ano e meio (JÚNIOR et al., 2011). Após a colheita do primeiro período produtivo, seu ciclo produtivo passa a se chamar cana-soca (CHEAVEGATTI-GIANOTTO et al., 2011) (FIGURA 2.1). A cana-de-açúcar é uma cultura exótica no Brasil, e obteve sucesso em sua implantação devido a fatores favoráveis para o seu cultivo como: solos férteis, recursos hídricos, temperaturas tropicais e relevo plano (RODRIGUES et al., 2020).

Figura 2.1 – Fases fenológicas da cana-de-açúcar



Fonte: Nakano, 2011

2.2 A cana-de-açúcar no Brasil: Aspectos históricos e econômicos

A cana-de-açúcar foi trazida para a nova colônia de Portugal, o Brasil, no século XVI, e em 1560 consolidou a posição de Portugal no mercado mundial como exportador de açúcar proveniente da colônia. A cultura canavieira pode ser considerada a primeira grande cultura agrícola brasileira, e o açúcar produzido foi a primeira *commodity* nacional, que perdura até os dias atuais. O plantio de cana foi a base para o que se pode chamar de “a primeira grande empresa colonial agrícola europeia” e o açúcar foi o produto básico da economia agrícola (ARRUDA et al., 1973; FURTADO, 2020).

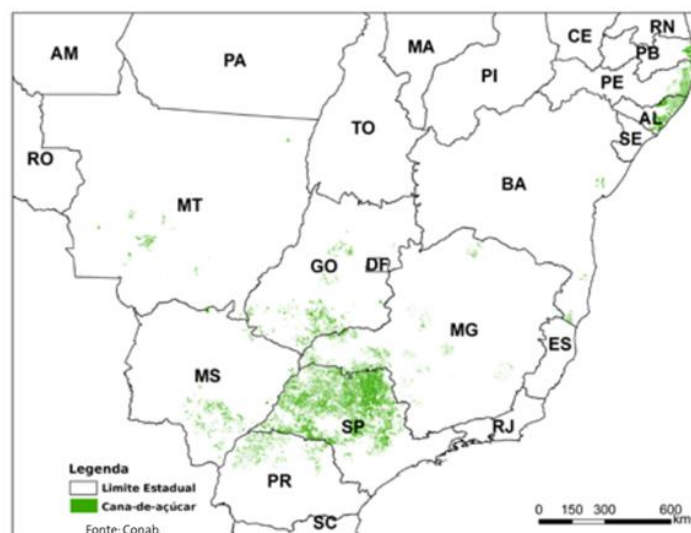
Os engenhos passaram a fazer parte estruturação da colônia brasileira, assim como a sua participação em diferentes arranjos econômicos, territoriais e tecnológicos. Eram de propriedade dos senhores da terra e a produção de açúcar era individualizada. Com as acentuadas crises no setor açucareiro e a necessidade de modernização da produção, foram criados os engenhos centrais onde havia uma separação entre a fase de produção agrícola e industrial. Esse modelo de produção trouxe consigo uma dificuldade do fornecimento estável de matéria-prima, e logo surgiu o apontamento de que os engenhos deveriam ter sua própria produção de matéria-prima. Já como república, o modelo adotado foram os de usinas, que se trata da mesma estrutura dos antigos engenhos modernizados e ampliados, onde a usina passa a produzir a matéria-prima e o produto manufaturado. As usinas tinham como produto principal o açúcar e uma pequena porção para produção de álcool (MEIRA, 2010). Até que em 1975 foi criado o Programa Nacional do Álcool (Proálcool). Com o aumento dos preços dos combustíveis fósseis, o programa ganhou força, marcando a transição das usinas para as indústrias sucroalcooleiras, que se configuravam por ser uma usina açucareira com a destilaria, e ainda com a possibilidade de produção de energia elétrica por meio da queima do bagaço, constituindo as empresas sucroenergéticas (DARODA et al., 2021).

A cana-de-açúcar continua sendo uma importante cultura para o Brasil. Os canaviais brasileiros incorporaram diversas tecnologias visando a melhoria de produção, e as variedades cultivadas comercialmente são provenientes do melhoramento vegetal. Os canaviais passaram a ser cultivados e cortados mecanicamente, sem a queima, e, após seu processamento, não é matéria prima somente para a produção de açúcar, mas também etanol, plásticos biodegradáveis e o bagaço é utilizado como insumo para as caldeiras durante a produção de eletricidade (DARODA et al., 2021; RODRIGUES et al., 2020).

Atualmente, o Brasil é o maior produtor mundial de cana-de-açúcar, seguido pela Índia, China, Tailândia, Paquistão e México (FAO, 2020). Segundo a Companhia Nacional de Abastecimento do Brasil (CONAB) a produção na safra 2022/2023 está estimada em 596,1 milhões de toneladas de cana-de-açúcar, em uma área de colheita de 8,2 milhões de hectares (FIGURA 2.2).

A Região Centro-Sul espera uma colheita de 539 milhões de toneladas, o que corresponde por 90,4% da produção nacional, seguido pela Região Norte e Nordeste que produzirão 57 milhões de toneladas para a safra 2022/2023. A estimativa total da produção brasileira em ATR (Açúcar Total Recuperável) é de 84,9 milhões de toneladas (CONAB, 2022). Quase 50% do ATR produzido pelas usinas na safra 2022/2023 está previsto para a produção de açúcar. Essa porcentagem destinada à produção de açúcar pode gerar um total de 40,282 milhões de toneladas. Essa estimativa de produção é 14,9% superior à safra anterior.

Figura 2.2 – Áreas de cultivo de cana-de-açúcar mapeadas por imagem de satélite



Fonte: CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento

O aumento na produção atual recupera parte do mercado perdido na safra anterior. O fator que favorece a produção de açúcar para esta safra é a melhor rentabilidade, o maior número de contratos a serem cumpridos e a melhor qualidade da matéria-prima para este ano (CONAB, 2022). O Brasil possui atualmente 404 usinas de açúcar, etanol e destilarias e cerca de 70.000 produtores (UDOP 2020; ÚNICA, 2020).

2.3 O processo de produção de açúcar

O processo de produção de açúcar é composto das seguintes etapas: 1) colheita da cana; 2) extração e o peneiramento do caldo para a separação do bagacilho; 3) clarificação do caldo, para a remoção da maioria das substâncias que proporcionam a cor do caldo; 4) evaporação da água do caldo, transformando-o em xarope; 5) concentração do xarope ou cozimento a vácuo, para a formação dos cristais de açúcar com mel; 6) cristalização, o crescimento dos cristais à baixa temperatura; 7) centrifugação, para separar os cristais do mel; 8) secagem do açúcar, para retirar o excesso de umidade e 9) ensacamento do açúcar (REIN, 2016).

O controle do processo para tratamento e clarificação do caldo para produção de açúcar é realizado por meio de alguns parâmetros como: Brix (teor de sólidos solúveis do caldo), Pol (Porcentagem de massa de sacarose - °S), Pureza (sacarose contida em 100 partes de sólidos totais), ARL (açúcares redutores livres), P₂O₅ presente, e coloração (cor ICUMSA) (REIN, 2016).

2.4 Tipos de açúcar produzidos comercialmente no Brasil

No Brasil são fabricados pelas sucroalcooleiras cinco tipos de açúcar, sendo três com coloração escura (VHP - *Very High Pol*, VVP - *Very Very High Pol* e Demerara), e dois tipos de açúcar branco, denominados de Cristal e Refinado (Caldas, 2012). Além do açúcar mascavo, produzido industrialmente em menor escala, ou de forma artesanal na agricultura familiar (JERONIMO, 2018).

Os açúcares tipos de açúcar VHP e VVP são os tipos mais exportados pelo Brasil, sendo utilizados como matéria-prima para outros processos e destinados para o refino, devido ao seu alto grau de polarização (porcentagem em massa da sacarose aparente contida em uma solução açucarada), já que, em seu processo de fabricação, o processamento é mínimo, ou seja, é produzido sem passar por processos de clarificação (HONIG, 2013; MERSAD et al., 2003; REIN, 2016).

O açúcar tipo demerara não passa por um processo de clarificação, possui cor escura, oriunda do melaço não totalmente retirado no processo de fabricação. É próprio para o consumo humano, rico em nutrientes e de difícil solubilização quando comparado aos açúcares refinados. Neste tipo de açúcar é possível encontrar diferentes nutrientes como cálcio e ferro (HONIG, 2013; MERSAD et al., 2003; REIN, 2016). O açúcar do tipo demerara tem uma polarização de 96,5°S a 98,5°S.

A fabricação do açúcar cristal e refinado tem o acréscimo de uma etapa de clarificação/refino, a sulfitação ou de outro sistema clarificação do caldo. O açúcar cristal e refinado caracteriza-se por ter uma polarização de entre 99,3°S a 99,9°S (BOURZUTSCHKY, 2005; CALDAS, 2012).

O açúcar mascavo é produzido de forma artesanal assim como a rapadura e melaço e consiste na concentração do caldo de cana até a sua cristalização. É rico em minerais como cálcio, ferro, potássio, zinco, além de vitaminas e aminoácidos e sua polarização é de cerca de 90°S (ANDRADE et al., 2018; EGGLESTON, 2018).

2.5 Clarificação na produção de açúcar

O caldo da cana-de-açúcar é a matéria prima para a produção de açúcar, independentemente do tipo de açúcar que se pretende fabricar. O caldo pode ter composição química e cor que variam em função da idade e tipo da variedade de cana-de-açúcar, logo, o caldo pode ser definido como uma solução rica em açúcares e não-açúcares (COUTINHO et al., 2016; PATTON et al., 1992). As substâncias que interferem na cor do caldo, escurecendo-o, podem ter sua origem da cana-de-açúcar como também, serem geradas durante os processos de produção do caldo e do xarope, na fabricação do açúcar branco. A cana-de-açúcar contém substâncias como a clorofila, antocianina e, principalmente, polifenóis, que são substratos para enzimas que interferem na cor do caldo (BUCHELI et al., 1994; HONIG, 2013; RIFFER, 1988).

Na indústria brasileira a clarificação é feita por meio da sulfitação, que consiste no processo de injeção do gás oriundo da queima controlada do enxofre, o dióxido de enxofre (SO₂), em uma coluna em contracorrente da direção do caldo, e devido a propriedade redutora tem poder descolorante (HONIG, 2013; MERSAD et al., 2003; REIN, 2016). Essa fase do processo faz com que o pH do caldo se torne ácido (3,8-4,3), prepara-se então a caleação (adição de uma solução de cal), para elevá-lo a pH 7,0 (neutro) e então é aquecido a 100-105°C e é enviado para o decantador (HONIG, 2013; REIN, 2016).

Esse processo faz com que o caldo possa ser transformado em açúcar para consumo direto, ou seja, sem necessidade de passar por mais etapas de refino. O açúcar cristal de consumo direto utilizado no mercado brasileiro e alguns países da América do Sul é proveniente deste tipo de clarificação e, devido a exigências principalmente do mercado externo, que não aceita açúcar produzido com o uso do gás de enxofre, há uma busca por alternativas (FAVERO et al., 2011).

Processos como a carbonatação (HONIG, 2013), ozonização (CULLEN et al., 2009), o uso de argilas (SONG et al., 2019) e de polímeros (DOHERTY et al., 2003), desenvolvidos para esse fim, são uma alternativa para uma clarificação livre da presença de enxofre que pode causar danos à saúde humana e causar danos ambientais (FAVERO et al., 2011).

A coloração do caldo vai influenciar diretamente na etapa de clarificação, por consequência, na qualidade final do produto. A depender da coloração inicial, as etapas de clarificação podem ser redimensionadas de acordo com a necessidade, onerando o processo (MERSAD et al., 2003). O processo de escurecimento do caldo ocorre no momento da extração do caldo da cana-de-açúcar, por ação enzimática da enzima Polifenol Oxidase (PPO) e enzimas correlatas (BUCHELI et al., 1994). Além dos processos físico-químicos, que por sua vez podem tornar o processo de produção mais oneroso, existem métodos bioquímicos e biotecnológicos que podem facilitar o processo de clarificação e reduzir os custos de produção (GARCIA et al., 2020).

2.6 O escurecimento enzimático em vegetais

O escurecimento enzimático em vegetais ocorre quando o tecido vegetal passa por algum dano, onde há rompimento da estrutura celular. O dano celular pode ocorrer devido ao ataque de pragas, por choque físico ocasionado pela colheita, transporte ou processamento industrial, tais como: cortes, despulpamento, congelamento e descongelamento (SINGH et al., 2018).

Em cana-de-açúcar o escurecimento ocorre no momento da extração do caldo por moagem ou esmagamento. O escurecimento enzimático é ocasionado pela ação de enzimas como a Polifenol Oxidase (PPO), que provoca a oxidação de compostos fenólicos. Entretanto, o escurecimento enzimático ocorre não pela ação de uma única enzima, mas sim com a contribuição de enzimas adicionais como a Peroxidase (POD) (BUCHELI et al., 1994; SINGH et al., 2018). Em diversas culturas como cereais (TARANTO et al., 2012), frutas (REINKENSMEIER et al., 2016) e hortaliças (HEIMDAL et al., 1994), a PPO é apontada como uma das principais causas do escurecimento. Na maioria dos casos, o escurecimento enzimático tem um impacto negativo na cor, sabor, propriedades nutricionais e vida útil dos produtos alimentares (TARANTO et al., 2017).

2.7 PPO e POD: função fisiológica, e sua influência na formação de compostos causadores do escurecimento

A PPO (EC 1.10.3.1) e POD (EC 1.11.1.7) desempenham um papel importante na oxidorredução de compostos fenólicos e provocam a síntese de polímeros de cor marrom conhecidos por melaninas, e por conseguinte causam escurecimento dos tecidos vegetais (ESPÍN et al., 1998; MOON et al., 2020).

As PPOs classificadas como oxidorredutases possuem dois átomos de cobre como grupo prostético. A oxidação de compostos fenólicos em quinonas e a formação de melaninas dão origem a uma cor escura nos alimentos (MAYER et al., 1979; TARANTO et al., 2017). As PPOs são capazes de catalisar duas reações: primeiro o substrato fenólico é hidroxilado, próximo a um grupo hidroxila predominante (atividade monofenol oxidase; EC 1.14.18.1), e segundo, são formadas *o*-quinonas pela oxidação de difenóis (atividade difenol oxidase; EC 1.10.3.2). Em cada uma das reações acima mencionadas, o oxigênio molecular é utilizado como co-substrato (SINGH et al., 2018; MAYER, 2006) (FIGURA 2.3). As atividades da monofenol oxidase ou difenol oxidase ocorrem de forma específica, resultando na classificação como tirosinase e catecol oxidase, respectivamente (DECKER et al., 2006). Fisiologicamente, a ação das PPOs está relacionada a defesa de patógenos, resistência ao ataque de insetos, síntese de lignina e resposta a estresses abióticos (JUKANTI, 2017).

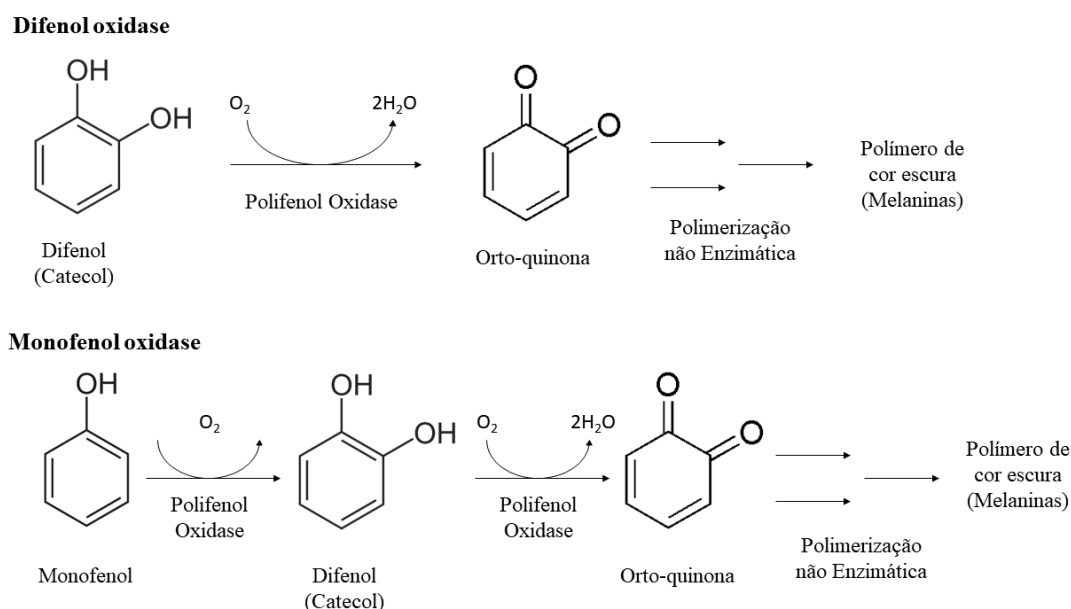
Na fisiologia de plantas, as PPOs estão relacionadas a reação de Mehler, participando da fotorredução de O₂ pelo fotossistema I (PSI), e regulação de O₂ dos níveis de oxigênio nos plastídios (TREBST et al., 1995; VAUGHN et al., 1988; VAUGHN et al., 1984). A reação de Mehler atua como um sumidouro de energia luminosa não utilizada em situações de estresse hídrico, quando a assimilação de carbono é reduzida devido ao fechamento estomático (BIEHLER et al., 1996). A dissipação de energia é essencial para que não haja formação de espécies reativas de oxigênio, que são danosas aos processos fisiológicos das plantas. As plantas com elevadas concentrações de PPOs seriam mais tolerantes aos estresses abióticos, uma vez que as PPOs estão relacionadas a reação de Mehler (JUKANTI, 2017). Independente da função atribuída a PPO, o seu produto pode dar origem a um polímero/pigmento de coloração escura durante o processamento pós-colheita.

As POD são oxirredutases que possuem uma gama de reações complexas com diferentes substratos fenólicos. A reação catalisada pela POD tem a capacidade de subtrair um elétron de um composto fenólico (PhOH) produzindo um radical fenoxil

(PhO[•]) na presença de H₂O₂, comoceptor de elétrons (FIGURA 2.4). Os produtos gerados com radical fenoxil, PhO[•] podem reagir entre si, o que resulta na formação de produtos como lignina, suberina, hidroquinonas ou quinonas (Bernards et al., 1999; VELJOVIC JOVANOVIĆ et al., 2018). A atividade da POD pode levar a formação de pigmentos de coloração escura, como acontece quando o substrato da enzima é o guaiacol, formando o produto tetraguaiacol (DOERGE et al., 1997).

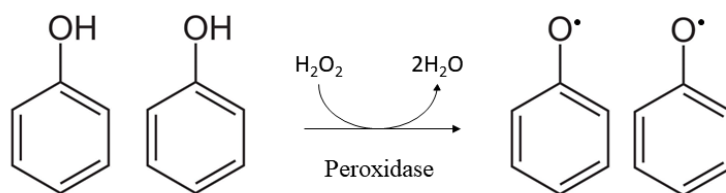
Embora PPO e POD estejam diretamente relacionadas ao escurecimento enzimático de vegetais, cada uma pode exercer ação majoritária das condições para que a reação ocorra. O protagonismo do escurecimento está na função do tipo de tecido vegetal, idade, disponibilidade de substrato e co-substratos e concentração enzimática (BUCHELI et al., 1996; MAYER et al., 1979; VELJOVIC JOVANOVIĆ et al., 2018). Para as PPOs, seus substratos são determinantes para que a reação ocorra (MCLARIN et al., 2020). Entretanto, ao se tratar de escurecimento enzimático causado por processamento, a POD pode ter a sua ação limitada devido à disponibilidade de seu co-substrato, H₂O₂ (SINGH et al., 2018).

Figura 2.3 - Mecanismo de formação de pigmentação escura pela ação da PPO



Fonte: Do autor (2022)

Figura 2.4 - Mecanismo de ação da peroxidase



Fonte: Adaptado de Veljovic et al., 2018

2.8 Localização celular da PPO e POD: Como o escurecimento enzimático pós-processamento pode ser influenciado pela localização celular das enzimas

As PPOs e PODs têm como substratos os compostos fenólicos, que se trata de substâncias químicas formadas por um ou mais anéis aromáticos com um ou mais grupos hidroxilas, encontradas em frutas e vegetais (DAI et al., 2010; MANOHAR et al., 2014; SINGH et al., 2017). Esses compostos são metabólitos secundários produzidos pela via do ácido chiquímico utilizando os intermediários do mecanismo de carboidratos (SINGH et al., 2017). Os compostos fenólicos usados como substrato enzimático da PPO ou POD ficam alocados nos vacúolos (VAUGHN et al., 1988).

As PPOs estão localizadas em sua forma ativa na membrana dos tilacóides de cloroplastos e em outros plastídios não verdes (RICHARD-FORGET et al., 1994; VAUGHN et al., 1988). Os genes das PPOs são transcritos no núcleo celular e traduzidos por ribossomos citoplasmáticos, permanecendo em sua forma inativa, e posteriormente translocadas e integradas na membrana dos tilacóides (YALOVSKY et al., 1992; YORUK et al., 2003). Devido a compartimentação das enzimas (tilacóides) e substratos (vacúolo) em diferentes estruturas da célula, não é observado escurecimento em tecidos vegetais saudáveis (VAUGHN et al., 1988). O escurecimento mediado por PPOs só ocorre quando há rompimento das estruturas celulares e interação entre enzima-substrato. Este rompimento pode ocorrer durante a senescência ou lesão no tecido, resultando em incremento na cor escura das melaninas (JUKANTI, 2017; MURATA et al., 1997).

As PODs estão localizadas na parede celular, apoplasto e vacúolo, e podem ser solúveis ou ligadas ionicamente ou covalentemente à parede celular (VELJOVIC JOVANOVIĆ et al., 2018). São glicoproteínas sintetizadas no retículo endoplasmático e

transportadas pelo complexo de Golgi tanto para o espaço extracelular quanto para os vacúolos, são as únicas enzimas sequestrantes de H_2O_2 no espaço extracelular (VELJOVIC JOVANOVIĆ et al., 2018; WELINDER et al., 2002). Seus substratos podem ser compostos fenólicos provenientes do metabolismo secundário, indóis e aminas (PASSARDI et al., 2007), que estão localizados nos mesmos locais onde a enzima está presente (CHEYNIER et al., 2013).

As PODs estão presentes nos mesmos locais que seus substratos. Logo a concentração interna de H_2O_2 pode ser o único fator limitante para que haja a reação de escurecimento mediado pela POD (SINGH et al., 2018; SUBRAMANIAN et al., 1999). Em condições fisiológicas ótimas, essa concentração é mantida baixa (VELJOVIC JOVANOVIĆ et al., 2018). Sendo assim, é mais plausível que a POD esteja ligada a processos lentos de escurecimento (SUBRAMANIAN et al., 1999), enquanto as PPOs só passam a atuar com o rompimento da matriz celular onde o aceptor de elétrons, O_2 , não é um fator limitante por ser abundante na atmosfera. Deste modo, em uma condição de processamento, como o que ocorre durante a extração do caldo de cana-de-açúcar, a PPO em condições favoráveis pode assumir o protagonismo no escurecimento enzimático pós-processamento (BUCHELI et al., 1994; MANOHAR et al., 2014).

2.9 PPOs no genoma de cana-de-açúcar

As PPOs são uma família gênica bem estudada em plantas em que o escurecimento enzimático gera impactos econômicos (JUKANTI, 2017). As PPOs apresentam uma grande variabilidade em seu número e estrutura de genes, o que pode estar ligado à expansão ou contração da família gênica durante o processo evolutivo (TRAN et al., 2012). A maioria das PPOs estudadas contém de um a dois íntrons, muitas das vezes perto da região terminal 3' do gene. Considerando a proteína codificada, há também uma região conservada, contendo um centro com dois íons de cobre ligados a seis resíduos de histidina, um peptídeo de translocação N-terminal e uma região C-terminal característica (TRAN et al., 2012).

Em cana-de-açúcar, um gene de PPO foi primeiramente identificado com auxílio de anticorpos policlonais, apresentando uma sequência precursora de uma proteína de 67 kDa, e sequência madura de 59 kDa. Sua sequência de nucleotídeos com 2209 pb codifica para 615 aminoácidos, que apresentou expressão diferencial em diferentes tipos de tecidos, e homologia suficiente com sequências já identificadas em batata e tomate para afirmar que é uma PPO (BUCHELI et al., 1996). Posteriormente, a PPO foi

superexpressa em cana-de-açúcar geneticamente modificada (GM) e o fenótipo observado foi de maior escurecimento do caldo, evidenciando sua participação determinante no escurecimento pós-processamento (VICKERS et al., 2005).

As variedades modernas de cana-de-açúcar são híbridos interespecíficos de duas variedades poliplóides do gênero *Saccharum*. Por consequência, o genoma da cana é redundante e abriga genes com múltiplas cópias funcionais (VILELA et al., 2017). Sendo híbridos interespecíficos poliplóides e aneuplóides, possuem tipicamente de 10 a 13 conjuntos (homeólogos) de seus 10 cromossomos básicos (genoma haploide). Os cromossomos são compostos por 80-85% de *S. officinarum* ($2n = 80$), 10-15% de *S. spontaneum* ($2n = 40-128$) e cerca de 5% por cromossomos recombinados entre esses dois progenitores (JANNOO et al., 1999; PIPERIDIS et al., 2010).

A complexidade atribuída ao genoma da cana-de-açúcar faz da procura por genes em seu genoma um trabalho que exige grande acurácia e critérios de investigação bem definidos. Entre os diversos fatores que tornam o estudo do genoma de cana-de-açúcar um desafio, entre eles podemos citar a ploidia, os hibridismos e o tamanho do genoma, que é estimado em mais de 10 GB (AITKEN et al., 2016; SOUZA et al., 2019; THIRUGNANASAMBANDAM et al., 2018). A ausência de genomas completamente sequenciados ou anotados aumentam a dificuldade de análises e procura por genes. Genomas de *S. officinarum*, espécie que compõe as variedades modernas de cana-de-açúcar no Brasil, auxiliam na busca por genes, sendo um importante auxiliar na identificação e estudo da evolução de genes em variedades híbridas de cana-de-açúcar (ZHANG et al., 2018).

Em 2019, o genoma da variedade comercial SP80-3280 foi lançado e tem sido utilizada como modelo para estudos genômicos, genéticos e transgênicos no Brasil (SOUZA et al., 2019). Mesmo com a complexidade da identificação e anotação dos genes de PPO em cana-de-açúcar, o genoma lançado é a principal base para desenvolvimento de trabalhos que envolvem ferramentas biotecnologia vegetal para desenvolvimento de novas variedades.

2.10 PPO em cana-de-açúcar

O efeito de escurecimento enzimático pós-processamento no caldo de cana-de-açúcar é amplamente estudado na indústria de alimentos ao longo das décadas (BUCHELI et al., 1994; JACKSON et al., 2006; MANOHAR et al., 2014; RIFFER, 1988; VICKERS et al., 2005). Este fator indesejado causa perdas nutricionais,

organolépticas e aumenta o custo de produção, pela necessidade de inserção de operações unitárias para a sua clarificação (MANOHAR et al., 2014; VICKERS et al., 2005).

O escurecimento é principalmente atribuído à ação da PPO devido a suas características físico-químicas do processo de extração do caldo. A ação da PPO no escurecimento pode variar em função da variedade (MANOHAR et al., 2014), grau de maturação (QUDSIEH et al., 2002), tecido analisado (QUDSIEH et al., 2002), composição química (COUTINHO et al., 2016) e concentração enzimática (VICKERS et al., 2005).

Diversas tecnologias foram desenvolvidas a fim de minimizar os efeitos do escurecimento enzimático causado pela PPO no caldo de cana-de-açúcar, desde a aplicação de tratamento térmico e químico associados (MAO et al., 2007), aquecimento por aplicação de campo elétrico (SAXENA et al., 2016). Porém, a aplicação destes tratamentos como a pasteurização causam perdas organolépticas e nutricionais desejadas (WANG et al., 2020).

Uma alternativa viável para a contornar o escurecimento enzimático causado pela PPO em cana-de-açúcar é por meio do melhoramento genético ou utilizando técnicas de biotecnologia vegetal, como o RNAi (JUKANTI, 2017), gerando novos eventos de cana-de-açúcar geneticamente modificados ou editados de modo que a expressão da PPO seja reduzida. Essa alteração tem por objetivo obter um caldo de cana-de-açúcar com menor escurecimento, a fim de reduzir custos de produção e melhorar as características nutricionais do açúcar branco (GARCIA et al., 2020).

2.11 Impacto econômico da PPO na produção de açúcar

O escurecimento enzimático causado pela PPO, é considerada a maior causa de escurecimento em frutas e vegetais que passam por algum tipo de processamento. As perdas sensoriais e nutricionais causados pelo escurecimento, reduz sua atratividade para o consumidor, causando um significativo impacto econômico, tanto para produtores quanto a indústria que processa alimentos de origem vegetal (DELICADO et al., 2005; QUEIROZ et al., 2008).

Em cana-de-açúcar o escurecimento influencia diretamente no qualidade do produto final, a depender do tipo de açúcar produzido. A coloração da matéria prima, o caldo de cana-de-açúcar, reflete diretamente no custo de produção dos principais tipos de açúcar consumidos, e exportados pelo Brasil. Ou seja, o caldo que tem uma maior

ação enzimática da PPO, demanda um maior ou intensidade de operações unitárias para realizar o clareamento do caldo para a produção do açúcar branco ou *VHP* (MANOHAR et al., 2014; GARCIA et al., 2020)

Em um estudo que avalia quais seriam os ganhos econômicos do uso de uma cultivar geneticamente modificada para fabricação de açúcar, que reduza a necessidade da operação unitária de clareamento, pode-se estimar um ganho de até R\$ 103,70 milhões no Centro Sul e R\$ 16,34 milhões no Nordeste, caso a tecnologia fosse adotada. Levando em conta a produção nacional, se a tecnologia fosse adotada em 20% da produção, o ganho estimado por região é de R\$ 32,35 milhões e R\$ 6,61 milhões, respectivamente, podendo chegar a R\$ 161,75 milhões e R\$ 33,06 milhões caso toda a produção derivasse desta tecnologia. Logo, uma variedade gerada a partir do melhoramento genético com a característica de menor escurecimento enzimático, pode gerar um menor custo de produção e maior lucro para a indústria, além de um menor impacto ambiental gerado pela etapa de clareamento.

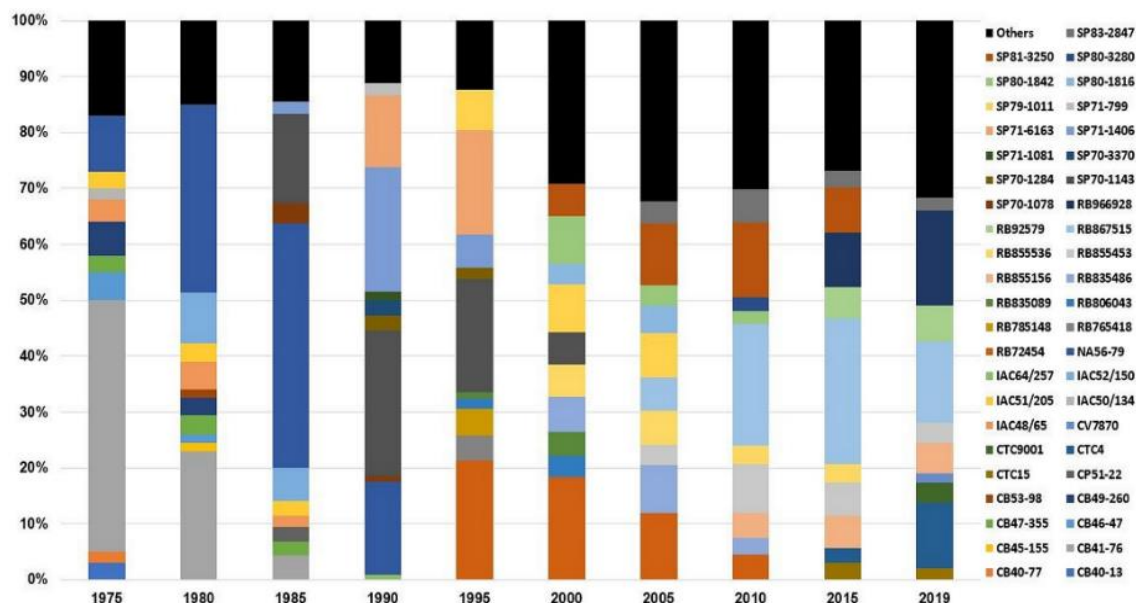
2.12 Programas de melhoramento de cana-de-açúcar

Os programas de melhoramento genético sempre foram de grande importância para o desenvolvimento da cultura da cana-de-açúcar no Brasil, contribuindo significativamente para o aumento do rendimento agroindustrial da cadeia produtiva da cana-de-açúcar (CURSI et al., 2022).

Os principais programas de melhoramento consolidados no cenário nacional são compostos por empresas públicas e privadas. As principais empresas atualmente são o Centro de Tecnologia Canavieira (CTC), a Rede Interuniversitária Para o Desenvolvimento do Setor Sucroenergético (RIDESA) e o Instituto Agrônomo de Campinas (IAC). Outras iniciativas privadas como a Cooperativa Central dos Produtores de Açúcar e Álcool do Estado de São Paulo (COPERSUCAR) que teve suas atividades encerradas no ano 2000, deixaram um significativo legado que são as variedades SP (Cursi et al., 2022). Essas empresas são responsáveis pelas principais variedades utilizadas na agroindústria canavieira (FIGURA 2.5).

Segundo dados do Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA, 2020), em 2020 havia no mercado nacional 214 variedades de cana-de-açúcar registradas, sendo 38 CTC, 68 RIDESA, 37 COPERSUCAR, 33 IAC e 38 de outras empresas (CURSI et al., 2022).

Figura 2.5-Lista das dez principais variedades de cana-de-açúcar cultivadas no Brasil entre 1975 e 2019, com as respectivas proporções



Fonte: Cursi, et al. 2022

Outras empresas têm surgido com forte impacto sobre o melhoramento dessa cultura por meio de biotecnologia vegetal, como a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA).

A exemplo de variedades disponíveis no mercado, a variedade RB92579 está entre as cinco variedades mais plantadas no Brasil, com uma área total de 364 mil hectares na safra 2019/2020 (IAC, 2021) e utilizada como base para este estudo. É uma variedade com excelente produtividade agrícola, ótimo perfilhamento, bom fechamento da entrelinha, ótima brotação das socarias, com boa longevidade; porte semi-ereto, com ótima colheitabilidade; boa recuperação após períodos de seca; altamente responsiva à irrigação e muito eficiente no uso da água; alta eficiência no uso dos principais nutrientes; ótimo teor de sacarose, maturação média com PUI (período de utilização industrial) longo, recomendada para colheita do meio para o final de safra; florescimento baixo; tolerante em relação ao ataque da broca comum, resistente a ferrugem marrom e escaldadura das folhas e moderadamente resistente ao carvão (RIDESA, 2010). Entretanto, apresenta coloração escura, o que torna o uso desta variedade para produção de açúcar mais oneroso, devido à adição de operações unitárias para a produção de açúcar branco. Esta característica pode ser melhorada para as

demandas industriais por meio do melhoramento genético (CHEAVEGATTI-GIANOTTO et al., 2011).

Os programas de melhoramento buscam obter variedades que melhor atendam as demandas agrônomicas e industriais, sendo que o processo de geração de uma nova variedade pode se estender entre 10 e 15 anos, e durante esse período, as características econômicas desejadas podem se tornar obsoletas (CURSI et al., 2022; YADAV et al., 2020). A complexidade e tamanho do genoma de cana-de-açúcar é uma grande limitação para o melhoramento genético clássico, mesmo com o sequenciamento de genomas e desenvolvimento de novas ferramentas de bioinformática e biotecnologia, a cultura fica aquém de outras culturas agrícolas como soja e milho (SOUZA et al., 2019; THIRUGNANASAMBANDAM et al., 2018). Com o advento da biotecnologia vegetal empregada no melhoramento de grandes culturas, problemas pontuais como o escurecimento enzimático do caldo de cana-de-açúcar podem ser contornados com técnicas como o silenciamento gênico por RNAi.

2.13 Tecnologia de RNAi no melhoramento genética de plantas

A descoberta do mecanismo de controle da expressão gênica por RNAs, na década de 90, se deu devido a perspicácia dos pesquisadores ao interpretar resultados inesperados, contraditório ao esperado. Ao superexpressar um gene endógeno de petúnias relacionado a cor, esperava-se que a pigmentação nas flores aumentasse, entretanto, as flores ficaram brancas ou variegadas. A superexpressão do gene inibiu total ou parcialmente a via de biossíntese de pigmento. Por outro lado, as progênies das plantas sem a introdução do gene eram normais e apresentavam flores com a coloração violeta, fenômeno foi então denominado de cossupressão de genes homólogos (NAPOLI et al., 1990). Em estudos subsequentes, pôde-se constatar que a expressão nuclear dos genes suprimidos em plantas com fenótipo de superexpressão permanecia inalterado, e a regulação ocorre apenas em nível pós-transcricional (CARVALHO et al., 1992; VAN BLOKLAND et al., 1994).

À medida que o interesse pelos mecanismos de regulação pós-transcricional foi crescendo, percebeu-se que os RNAs não eram apenas mensageiros da informação entre o DNA e a síntese de proteínas, mas que também participavam da regulação da transcrição. Com o avanço dos estudos sobre esse sistema de regulação foi possível identificar e caracterizar uma nova classe de RNAs não codificadores (ncRNA: non-coding RNA), os pequenos ácidos ribonucleicos ou do inglês, *small RNAs* – sRNAs. A

elucidação do mecanismo de ação dos sRNAs com estudos em um nematoide de vida livre e organismo modelo, *Caenorhabditis elegans*, comprovou que o maior efeito de silenciamento de genes alvo foi obtido após a injeção do RNA de fita dupla (dsRNA), processo chamado de interferência mediada por RNA, ou apenas RNA interferente (RNAi) (FIRE et al., 1998). Experimentos posteriores demonstraram que as moléculas de dsRNA ativam um complexo mecanismo proteico que seria responsável por localizar o mRNA alvo com alta homologia da sequência, e por clivar esse mRNA após sua transcrição e processamento, mas antes de sua tradução (MONTGOMERY et al., 1998).

Para que os RNAs de interferência atuem como reguladores da transcrição há o funcionamento de uma maquinária proteica conservada nos eucariotos, foi demonstrado que as moléculas de dsRNA eram processadas em fragmentos menores de 21 a 23 nucleotídeos ao mesmo tempo que o RNA alvo era clivado em intervalos de 21 a 23 nucleotídeos. A partir desse experimento foi proposto que os fragmentos de RNA oriundos do dsRNA serviriam como guias e seriam responsáveis por recrutar o complexo enzimático denominado complexo de silenciamento induzido por RNA ou *RNA-induced silencing complex* (RISC), para clivar o mRNA alvo, identificando o alvo pelo pareamento com o guia oriundo da sequência processada a partir do dsRNA, essas pequenas moléculas foram chamadas de *small interfering RNAs* (siRNAs) (ZAMORE et al., 2000). Após a elucidação dos siRNAs, a enzima responsável por clivar os dsRNA foi descrita e denominada DICER, que se trata de uma Ribonuclease tipo III capaz de clivar especificamente moléculas de dsRNA (BERNSTEIN et al., 2001). Esta enzima é conservada evolutivamente, apresentando homólogos em plantas, fungos e animais superiores (PEREIRA, 2013).

Para que o silenciamento ocorra é necessário a ação de outro complexo enzimático, o complexo RISC que é o efetor do silenciamento. O complexo é constituído por uma subunidade, a proteína Argonauta (AGO), que é composta estruturalmente por dois domínios, PAZ e PIWI (HAMMOND et al., 2001). O domínio PIWI apresenta uma ação similar à de uma RNase (SONG et al., 2003). Além da enzima AGO, o complexo RISC é composto por outras proteínas, como a R2D2 (X. LIU et al., 2006), proteínas citoplasmáticas promotoras como C3PO (*component 3 promoter of RISC*) (Y. LIU et al., 2009), proteínas de ligação ao RNA e trans ativação TRBP (*transactivation response element RNA-binding protein*) (NAKANISHI, 2016). Este complexo liga-se ao siRNA em fita dupla, descarta ou degrada parte da cadeia dupla do

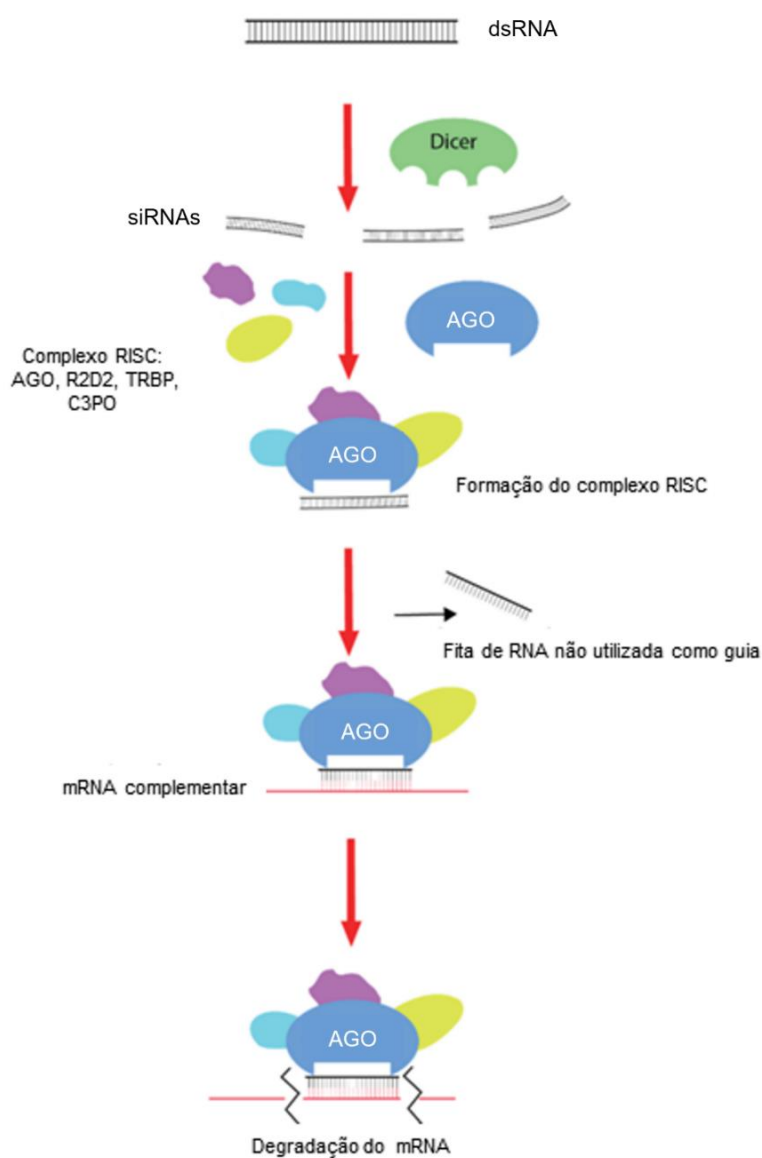
siRNA e encontra o mRNA alvo complementar via pareamento de bases, uma vez ligada a molécula alvo, este é clivado pela enzima AGO, controlando a expressão do gene alvo (MING et al., 2007) (FIGURA 2.6).

Esse processo é complexo, e existem diferentes tipos de ncRNAs capazes de regular a transcrição gênica como: RNAs provenientes de vírus (*virus-derived short interfering RNAs* – vsiRNAs), pequenos RNAs heterocromáticos (*heterochromatic small interfering RNAs* – hc-siRNA), pequenos RNAs naturais antissenso (natural antisense short interfering RNAs– nat-siRNAs), microRNAs (miRNAs) e PIWI-interacting RNA (piRNA), há uma especificidade do complexo proteico de silenciamento para cada tipo ncRNA, e para cada espécie (CHEN et al., 2011; PEREIRA, 2017; TAN et al., 2020).

As diferentes classes de ncRNAs distinguem-se pela sua origem, pela sua conservação durante a evolução e natureza de seus genes alvos. Como exemplo podemos citar a diferença entre as miRNAs e siRNAs. Os miRNAs estão presentes no genoma do eucarioto, são transcritos e processados e tem como alvos de RNAi outros genes endógenos codificadores de proteínas do mesmo organismo, e atuam principalmente na regulação da expressão de genes frente as condições do organismo. Por outro lado, os siRNAs estão mais relacionados com o sistema de defesa e têm como alvo RNA de vírus, elementos genéticos transponíveis ou mRNAs, em pesquisa por genética reversa ou utilização comercial visando silenciamento gênico por transgenia ou futuramente, por uso tópico de dsRNA e terapia gênica (PEREIRA, 2017; TAN et al., 2020).

A maioria dos siRNAs atuam no controle da expressão gênica, seja pré ou pós-transcricional, o silenciamento gênico por RNAi é uma importante ferramenta da genômica funcional, é uma forma de controle pós-transcricional amplamente utilizada pela biotecnologia vegetal para o desenvolvimento de variedades com características agrônomicas de interesse, com o silenciamento genes alvos. A técnica de RNAi traz ao melhoramento vegetal a possibilidade de trabalhar em características de interesse, regulando negativamente genes de forma específica. O que possibilita sua utilização para mudar a arquitetura de plantas, aumentar a tolerância a estresse biótico e abiótico, gerando melhorias de características para fins industriais (TAN et al., 2020).

Figura 1.6 – Esquema da via de controle da expressão genica mediado por RNAi



Fonte: Do autor (2022)

A cana-de-açúcar apresenta poliploidismo, uma característica que dificulta processos de melhoramento genético, entretanto a técnica de RNAi foi utilizada com sucesso (OSABE et al., 2009). Entre as melhorias com a aplicação da técnica pode-se destacar o silenciamento de genes responsáveis pela biossíntese de lignina a fim de viabilizar a produção de biocombustíveis a partir da biomassa (JUNG et al., 2012; MURUGAN et al., 2021), utilizado para estudos funcionais de genes no metabolismo de açúcar (GLASSOP et al., 2017), desenvolvimento de variedades resistentes a patógenos

(HIDAYATI et al., 2021). Todas as demandas apresentadas são demandas agronômicas essenciais para a cultura da cana-de-açúcar. Entretanto, empregar a técnica de RNAi como ferramenta biotecnológica para o melhoramento de plantas, em especial organismos poliploides como a cana-de-açúcar exige conhecimentos avançados em cultura de tecidos para que se possa obter plantas transformadas.

2.14 Cultura de tecidos vegetais para cana-de-açúcar

A cultura de tecidos vegetais é a base para o desenvolvimento de novas variedades com ferramentas de biotecnologia em programas de melhoramento genético de cana-de-açúcar (MANCHANDA et al., 2018). As abordagens de cultura de tecidos, como a embriogênese somática, podem ser empregadas para obter um grande número de plantas em espaço e tempo limitados (REINERT et al., 2013). O maior benefício da produção de plantas por esse método é a uniformidade fisiológica e genética, aspectos primordiais para execução e experimentos voltados para o melhoramento com ferramentas biotecnológicas (KRISHNA et al., 2013).

O desenvolvimento de técnicas/protocolos de cultura de tecidos para cana-de-açúcar são pauta de estudos por diversos pesquisadores a mais de quatro décadas (LARKIN, 1981; NICKELL et al., 1969). Foram desenvolvidas técnicas para transformação de protoplasto por captação direta de DNA (CHEN et al., 1987), por eletroporação (Rathus et al., 1992), de calos por biobalística (RATHUS et al., 1992) e por *Agrobacterium tumefaciens* (ARENCEBIA et al., 1998; BASSO et al., 2017; DONG et al., 2014).

Apesar de diferentes métodos já serem descritos, a transformação genética por ferramentas biotecnológicas não é um processo trivial. Cada variedade apresenta características únicas, o que faz com que o protocolo cultura de tecidos seja moldado para atender as necessidades específicas, para obter plantas completamente regeneradas a partir de uma única célula transformada. A transformação de *Saccharum* spp. mediadas por *A. tumefaciens* é uma das principais técnicas empregadas (BASSO et al., 2017), sendo descrita para diferentes variedades, com cada protocolo tendo suas adaptações necessárias (BASSO et al., 2017; DONG et al., 2014; FOUAD et al., 2015).

2.15 Biotecnologia aplicada ao controle do escurecimento enzimático

Como já discutido anteriormente, o controle do escurecimento enzimático vegetal pode ser oneroso e ter baixa eficácia, de modo que a manipulação genética pode

ser uma alternativa viável. Diversas culturas já utilizam de ferramentas biotecnológicas para obter variedades onde o controle de expressão ou transcrição via RNAi ou CRISPR mostram resultados efetivos no controle do escurecimento enzimático (TABELA 2.2).

Tabela 2.2 - Genes de PPO regulados negativamente com as técnicas de RNAi ou CRISPR

| N. Comum | N. Científico | Abrev. | Técnica | ID genbank | Autor |
|-----------|----------------------------|----------------------------------|---------|--|--------------------------|
| Batata | <i>Solanum tuberosum L</i> | StPPO2 | CRISPR | PGSC0003DM G400018916 | (VIEIRA, 2020) |
| Batata | <i>Solanum tuberosum L</i> | StuPPO1 StuPPO2 | RNAi | PGSC0003DM G400029575 PGSC0003DM G400018916 | (CHI et al., 2014) |
| Beringela | <i>Solanum melongena</i> | SmelPPO4 SmelPPO5 SmelPPO6 | CRISPR | HQ731445.1 HQ731446.1 HQ731447.1 | (MAIOLI et al., 2020) |
| Maçã | <i>Malus domestica</i> | PPO2 GPO3 APO5 pSR7 | RNAi | * L29450.1 AF380300.1 A27661.1 | (ARMSTRONG et al., 2013) |
| Abacaxi | <i>Ananas comosus</i> | AcPPO1 | RNAi | AY149880.1 | (KO et al., 2013) |
| Cevada | <i>Hordeum vulgare</i> | HvPPO1 HvPPO2 | RNAi | AB549331 AB549330 | (TAKETA et al., 2010) |

* - Sequência disponível apenas na patente.

No setor agroindustrial há uma constante busca por redução dos impactos ambientais e dos custos de produção, por isso os programas de melhoramento de cana-de-açúcar são motivados a desenvolver variedades que atendam as atuais exigências como; teor de fibra, brix (quantidade de sólidos solúveis), POL (porcentagem de massa de sacarose) e elevada produtividade. Além do seu desempenho agrônômico, as

variedades de cana devem apresentar características que facilitem o seu processamento, uma vez que os principais produtos de exportação são seus derivados como o álcool e açúcar. Reduzir ou eliminar etapas do processo de produção de açúcar, como a clarificação, por reduzir o escurecimento enzimático, atende a indústria açucareira ao reduzir a produção de resíduos químicos, reduzir custos de produção, e a entrega de um produto com melhor qualidade. O desenvolvimento tecnológico da cana-de-açúcar para atender demandas industriais nos principais setores tem sido uma das prioridades de instituições de pesquisa públicas ou privadas.

A aplicação de técnicas de biotecnologia avançada tem se mostrado importante no desenvolvimento vegetal por encurtar o processo de obtenção de variedades com características de interesse agroindustrial. Entre as técnicas existentes, o RNAi é uma técnica de regulação da expressão gênica bem descrita no que diz respeito a mecanismos e aplicação. As principais características e benefícios do emprego da técnica de RNAi são: (1) Precisão no alvo genético almejado, (2) uso direcionado de um mecanismo natural, (3) transformação por via indireta utilizando agrobactéria, (4) possibilidade de inserção de resistência a herbicida no mesmo cassete de transformação para silenciamento de gene alvo, (5) pode ser utilizado para o controle de expressão em múltiplos genes alvo e (6) técnica eficiente para uso em cana-de-açúcar (Babu et al., 2021; Jung et al., 2012; Murugan et al., 2021).

A incorporação de ferramentas biotecnológicas no melhoramento como o RNAi visando o controle de expressão de um ou mais genes contribui na redução de tempo investido para obtenção de uma nova variedade, ou na investigação da função de genes com potencial econômico. Sendo assim, justifica-se o uso da técnica de RNAi para o controle de expressão do gene das PPOs em cana-de-açúcar, a fim de gerar um variedade com alta produtividade e baixo impacto do escurecimento enzimático em sua coloração final do caldo extraído na indústria.

Tendo em vista o apresentado, este trabalho tem como objetivo estudar o escurecimento enzimático em diferentes variedades de cana-de-açúcar, e por meio de ferramentas biotecnológicas, silenciar a expressão da PPO e estudar seus efeitos sobre o fenótipo da cana-de-açúcar com foco no escurecimento do caldo.

REFERÊNCIAS

- AITKEN, K. et al. The first sugarcane genome assembly: how can we use it? In: **Proceedings of the 38th Conference of the Australian Society of Sugar Cane Technologists, Mackay, Queensland, Australia, 27-29 April 2016**. Australian Society of Sugar Cane Technologists, 2016.
- ARMSTRONG, J.; LANE, W. D. **Genetically modified reduced-browning fruit-producing plant and produced fruit thereof, and method of obtaining such**. U.S. Patent n. 8,563,805, 22 out. 2013.
- ANDRADE, L. DE A. et al. Evaluation of the physicochemical characteristics of brown sugar with added very high polarization raw sugar. **Brazilian Journal of Food Technology**, v. 21, 2018.
- ARENCIBIA, A. D. et al. An efficient protocol for sugarcane (*Saccharum spp. L.*) transformation mediated by *Agrobacterium tumefaciens*. **Transgenic Research**, v. 7, n. 3, p. 213–222, 1998.
- ARRUDA, J. J. A.; FRANÇA, E. D. **O Brasil no comércio colonial, 1796-1808: contribuição ao estudo quantitativo da economia colonial**. 1973.
- BASSO, M. F. et al. Improved genetic transformation of sugarcane (*Saccharum spp.*) embryogenic callus mediated by *Agrobacterium tumefaciens*. **Current Protocols in Plant Biology**, v. 2, n. 3, p. 221–239, 2017.
- BERNARDS, Mark A. et al. Biochemical characterization of the suberization-associated anionic peroxidase of potato. **Plant Physiology**, v. 121, n. 1, p. 135-146, 1999.
- BERNSTEIN, E. et al. Role for a bidentate ribonuclease in the initiation step of RNA interference. **Nature**, v. 409, n. 6818, p. 363–366, 2001.
- BIEHLER, K.; FOCK, H. Evidence for the contribution of the Mehler-peroxidase reaction in dissipating excess electrons in drought-stressed wheat. **Plant physiology**, v. 112, n. 1, p. 265–272, 1996.
- BLOKLAND, R. VAN et al. Transgene-mediated suppression of chalcone synthase expression in *Petunia hybrida* results from an increase in RNA turnover. **The Plant Journal**, v. 6, n. 6, p. 861–877, 1994.
- INSTITUTO AGRONOMICO DE CAMPINAS - IAC. **Censo varietal IAC de cana-de-açúcar no brasil - safra 2019/20 e na região centro-sul - safra 2020/21**. 63p. Campinas, 2021.
- BOURZUTSCHKY, H. C. C. Color formation and removal-Options for the sugar and sugar refining industries: a review. **Zuckerindustrie**, v. 130, n. 6, p. 470–475, 2005.
- BUCHELI, C. S. et al. Isolation of a full-length cDNA encoding polyphenol oxidase from sugarcane, a C4 grass. **Plant Molecular Biology**, v. 31, n. 6, p. 1233–1238, 1996.

- BUCHELI, C. S.; ROBINSON, S. P. Contribution of Enzymic Browning to Color in Sugarcane Juice. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 42, n. 2, p. 257–261, 1994.
- CALDAS, C. Novo Manual para Laboratórios Sucroalcooleiros. **Técnicos Açucareiros e Alcooleiros do Brasil**, 2012.
- CARVALHO, F. et al. Suppression of beta-1, 3-glucanase transgene expression in homozygous plants. **The EMBO journal**, v. 11, n. 7, p. 2595–2602, 1992.
- CHEAVEGATTI-GIANOTTO, Adriana et al. Sugarcane (*Saccharum X officinarum*): a reference study for the regulation of genetically modified cultivars in Brazil. **Tropical plant biology**, v. 4, p. 62-89, 2011.
- CHEN, C. J. et al. Genome-wide discovery and analysis of microRNAs and other small RNAs from rice embryogenic callus. **RNA biology**, v. 8, n. 3, p. 538–547, 2011.
- CHEN, W. H. et al. Transformation of sugarcane protoplasts by direct uptake of a selectable chimaeric gene. **Plant Cell Reports**, v. 6, n. 4, p. 297–301, 1987.
- CHEYNIER, V. et al. Plant phenolics: recent advances on their biosynthesis, genetics, and ecophysiology. **Plant physiology and biochemistry**, v. 72, p. 1-20, 2013.
- CHI, M. et al. Reduced polyphenol oxidase gene expression and enzymatic browning in potato (*Solanum tuberosum* L.) with artificial microRNAs. **BMC plant biology**, v. 14, n. 1, p. 1-18, 2014.
- CONAB-COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Acompanhamento da safra brasileira de cana-de-açúcar, safra 2021/2022. primeiro levantamento**. 2022.
- COUTINHO, I. D. et al. Metabolite profiling of sugarcane genotypes and identification of flavonoid glycosides and phenolic acids. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 64, n. 21, p. 4198–4206, 2016.
- CULLEN, P. J. et al. Modelling approaches to ozone processing of liquid foods. **Trends in Food Science & Technology**, v. 20, n. 3–4, p. 125–136, 2009.
- CURSI, D. E. et al. History and Current Status of Sugarcane Breeding, Germplasm Development and Molecular Genetics in Brazil. **Sugar Tech**, v. 24, n. 1, p. 112–133, 1 fev. 2022.
- DAI, J.; MUMPER, R. J. Plant phenolics: extraction, analysis and their antioxidant and anticancer properties. **Molecules**, v. 15, n. 10, p. 7313-7352, 2010.
- DARODA, R. J.; CUNHA, V. S.; BRANDI, H. S. From Sugarcane to Bioethanol: The Brazilian Experience. In: **Advances in Carbon Management Technologies**. CRC Press, 2021. p. 37-49.
- DECKER, H. et al. The first crystal structure of tyrosinase: all questions answered? **Angewandte Chemie International Edition**, v. 45, n. 28, p. 4546–4550, 2006.

- DILLON, S. L. et al. Domestication to crop improvement: genetic resources for Sorghum and Saccharum (Andropogoneae). **Annals of botany**, v. 100, n. 5, p. 975-989, 2007.
- DOERGE, D. R. Identification of the colored guaiacol oxidation product produced by peroxidases. **Analytical biochemistry**, v. 250, n. 1, p. 10–17, 1997.
- DOHERTY, W. O. S. et al. Flocculation and sedimentation of cane sugar juice particles with cationic homo-and copolymers. **Journal of Applied Polymer Science**, v. 90, n. 1, p. 316–325, 2003.
- DONG, S. et al. Advances in Agrobacterium-mediated sugarcane transformation and stable transgene expression. **Sugar Tech**, v. 16, n. 4, p. 366–371, 2014.
- EGGLESTON, G. Positive aspects of cane sugar and sugar cane derived products in food and nutrition. **Journal of agricultural and food chemistry**, v. 66, n. 16, p. 4007–4012, 2018.
- ESPÍN, J. C. et al. Monophenolase and diphenolase reaction mechanisms of apple and pear polyphenol oxidases. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 46, n. 8, p. 2968-2975, 1998.
- FAVERO, D. M. et al. Sulfitos: importância na indústria alimentícia e seus possíveis malefícios à população. **Segurança Alimentar e Nutricional**, v. 18, n. 1, p. 11–20, 2011.
- FIRE, A. et al. Potent and specific genetic interference by double-stranded RNA in *Caenorhabditis elegans*. **nature**, v. 391, n. 6669, p. 806–811, 1998.
- FURTADO, C. **Formação econômica do Brasil**. [s.l.] Companhia das Letras, 2020.
- GARCIA, B. de O. et al. Análise do potencial econômico de variedade de cana geneticamente modificada para produção de açúcar. In: **Encontro de pesquisa e inovação da Embrapa Agroenergia**, 6., 2020, Brasília, DF. Anais... Brasília, DF: Embrapa, 2020.
- GLASSOP, D. et al. An analysis of the role of the ShSUT1 sucrose transporter in sugarcane using RNAi suppression. **Functional Plant Biology**, v. 44, n. 8, p. 795–808, 2017.
- HAMMOND, S. M. et al. Argonaute2, a link between genetic and biochemical analyses of RNAi. **Science**, v. 293, n. 5532, p. 1146–1150, 2001.
- HEIMDAL, Hanne; LARSEN, Lone M.; POLL, Leif. Characterization of polyphenol oxidase from photosynthetic and vascular lettuce tissues (*Lactuca sativa*). **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 42, n. 7, p. 1428-1433, 1994.
- HIDAYATI, W. N. et al. Distinguishing resistances of transgenic sugarcane generated from RNA interference and pathogen-derived resistance approaches to combating

sugarcane mosaic virus. **Indonesian Journal of Biotechnology**, v. 26, n. 2, p. 107–114, 2021.

HONIG, Pieter (Ed.). **Principles of sugar technology**. Elsevier, 2013.

JACKSON, P. A. et al. Effect of genotype and genotype x nitrogen rate interactions on color in juice and raw sugar from sugarcane. **Crop Science**, v. 46, n. 2, p. 886–892, 2006.

JANNOO, Nazeema et al. Molecular investigation of the genetic base of sugarcane cultivars. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 99, p. 171-184, 1999.

JERONIMO, E. M. Produção de açúcar mascavo, rapadura e melado no âmbito da agricultura familiar e sua importância na alimentação humana. – Produção de açúcar mascavo, rapadura e melado no âmbito da agricultura familiar e sua importância na alimentação humana. In: **Magnoni Junior, L.; Stevens, D.; Purini, S.R.M.; Magnoni, M.G.M.; Vale, J.M.F.; Branco Junior, G.A.; Adorno Filho, E.F.; Da Silva, W.T.L. & Figueiredo, W.S.** (Eds.) – Ciência alimentando o Brasil. 2ed. São Paulo: Centro Paula Souza. p. 111-120.

JUKANTI, A. **Polyphenol oxidases (PPOs) in plants**. Springer Singapore: 2017.

JUNG, J. H. et al. RNAi suppression of lignin biosynthesis in sugarcane reduces recalcitrance for biofuel production from lignocellulosic biomass. **Plant biotechnology journal**, v. 10, n. 9, p. 1067–1076, 2012.

JÚNIOR, L. C. T. et al. Desempenho de cultivares de cana-de-açúcar nas condições de cana-planta de ano e meio (safra 2008/2009). **Ciência & Tecnologia**, v. 2, n. 1, 2011.

KO, L. et al. Field evaluation of transgenic pineapple (*Ananas comosus* (L.) Merr.) cv. “Smooth Cayenne” for resistance to blackheart under subtropical conditions. **Scientia Horticulturae**, v. 159, p. 103–108, jul. 2013.

KRISHNA, H. Micropropagation of lasora (*Cordia myxa* Roxb.). **Indian journal of Horticulture**, v. 70, n. 3, p. 323–327, 2013.

LARKIN, P. J. Sugarcane tissue and protoplast culture. **Plant Cell, Tissue and Organ Culture**, v. 1, n. 1, p. 149–164, 1981.

LIU, X. et al. Dicer-2 and R2D2 coordinately bind siRNA to promote assembly of the siRISC complexes. **Rna**, v. 12, n. 8, p. 1514–1520, 2006.

LIU, Y. et al. C3PO, an endoribonuclease that promotes RNAi by facilitating RISC activation. **Science**, v. 325, n. 5941, p. 750–753, 2009.

M FOUAD, W. et al. Generation of transgenic energy cane plants with integration of minimal transgene expression cassette. **Current pharmaceutical biotechnology**, v. 16, n. 5, p. 407–413, 2015.

- MAIOLI, A. et al. Simultaneous CRISPR/Cas9 Editing of Three PPO Genes Reduces Fruit Flesh Browning in *Solanum melongena* L. **Frontiers in Plant Science**, v. 11, 3 dez. 2020.
- MANCHANDA, P. et al. Somaclonal variation for sugarcane improvement. **Biotechnologies of Crop Improvement, Volume 1: Cellular Approaches**, p. 299-326, 2018.
- MANOHAR, M. P. et al. Studies on Phenolic Content and Polyphenol Oxidase Activity of Sugarcane Varieties with Reference to Sugar Processing. **Sugar Tech**, v. 16, n. 4, p. 385–391, 1 dez. 2014.
- MAO, L. C. et al. Maintaining the quality of sugarcane juice with blanching and ascorbic acid. **Food Chemistry**, v. 104, n. 2, p. 740–745, 2007.
- MAYER, A. M. et al. Polyphenol oxidases in plants. **Phytochemistry**, v. 18, n. 2, p. 193–215, 1979.
- MCLARIN, M. A. et al. Substrate specificity of polyphenol oxidase. **Critical Reviews in Biochemistry and Molecular Biology**, v. 55, n. 3, p. 274-308, 2020.
- MEIRA, R. B. **Bangüês, Engenhos Centrais e Usinas: O desenvolvimento da economia açucareira em São Paulo e a sua correlação com as políticas estatais (1875-1941)**. 2007. Tese de Doutorado. Universidade de São Paulo
- MENDONÇA V. M. et al. Analysis of Three Sugarcane Homo/Homeologous Regions Suggests Independent Polyploidization Events of *Saccharum officinarum* and *Saccharum spontaneum*. **Genome Biology and Evolution**, v. 9, n. 2, p. 266–278, 2017.
- MERSAD, A. et al. Colorants in the sugar industry. **Int. Sugar Jnl**, v. 105, n. 1254, p. 269–281, 2003.
- MING, D. et al. Domain motions of Argonaute, the catalytic engine of RNA interference. **Bmc Bioinformatics**, v. 8, n. 1, p. 1–11, 2007.
- MONTGOMERY, M. K. Double-stranded RNA as a mediator in sequence-specific genetic silencing and co-suppression. **Trends in Genetics**, v. 14, n. 7, p. 255–258, 1998.
- MOON, K. M. et al. Recent trends in controlling the enzymatic browning of fruit and vegetable products. **Molecules**, v. 25, n. 12, p. 2754, 2020.
- MOORE, P. H.; BOTHA, F. C. (Ed.). **Sugarcane: physiology, biochemistry and functional biology**. John Wiley & Sons, 2013.
- MURATA, M. et al. Subcellular Location of Polyphenol Oxidase in Apples. **Bioscience, Biotechnology and Biochemistry**, v. 61, n. 9, p. 1495–1499, 1997.
- MURUGAN, N. et al. RNAi-Based Gene Silencing Gene silencing in Sugarcane Sugarcane for Production of Biofuel Biofuels. In: **Biofuels and Biodiesel**. New York, NY: Springer US, 2021. p. 141-155.

NAKANISHI, K. et al. Anatomy of RISC: how do small RNAs and chaperones activate Argonaute proteins? **Wiley Interdisciplinary Reviews: RNA**, v. 7, n. 5, p. 637–660, 2016.

NAKANO, O. **Entomologia econômica**. 2011.

NAPOLI, C. et al. Introduction of a chimeric chalcone synthase gene into petunia results in reversible co-suppression of homologous genes in trans. **The plant cell**, v. 2, n. 4, p. 279–289, 1990.

NICKELL, L. G.; MARETZKI, A. Growth of suspension cultures of sugarcane cells in chemically defined media. **Physiologia plantarum**, v. 22, n. 1, p. 117–125, 1969.

OSABE, K. et al. RNAi mediated down-regulation of PDS gene expression in sugarcane (*Saccharum*), a highly polyploid crop. **Tropical Plant Biology**, v. 2, n. 3, p. 143–148, 2009.

PASSARDI, F. et al. PeroxiBase: the peroxidase database. **Phytochemistry**, v. 68, n. 12, p. 1605–1611, 2007.

PATTON, N.; DUONG, M. Sugar cane phenolics and first expressed juice colour. Part III. Role of chlorogenic acid and flavonoids in enzymic browning of sugar cane juice. **Int. Sugar J**, v. 94, p. 170, 1992.

PEREIRA, T. C. Introdução à técnica de interferência por RNA-RNAi. 2013.

QUDSIEH, H. Y. M. et al. Effect of maturity on chlorophyll, tannin, color, and polyphenol oxidase (PPO) activity of sugarcane juice (*Saccharum officinarum* var. yellow cane). **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 50, n. 6, p. 1615–1618, 13 mar. 2002.

RATHUS, C.; BIRCH, R. G. Stable transformation of callus from electroporated sugarcane protoplasts. **Plant Science**, v. 82, n. 1, p. 81–89, 1992.

REIN, P.; ATTARD, R. G. Cane sugar engineering. 2007.

REINERT, Jakob; BAJAJ, Yashpal S. (Ed.). **Applied and fundamental aspects of plant cell, tissue, and organ culture**. Springer Science & Business Media, 2013.

REINKENSMEIER, A. et al. Monitoring the apple polyphenol oxidase-modulated adduct formation of phenolic and amino compounds. **Food Chemistry**, v. 194, p. 76–85, 18 ago. 2016.

RICHARD-FORGET, F. C.; GOUPY, P. M. Enzymatic Browning Reactions in Apple and Apple Products. **Critical Reviews in Food Science and Nutrition**, v. 34, n. 2, p. 109–157, 1 jan. 1994.

RIDESIA, Brasil. Catálogo nacional de variedades “RB” de cana-de-açúcar. **Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro**, p. 136, 2010.

RIFFER, Richard. The nature of colorants in sugarcane and cane sugar manufacture. In: **Sugar Series**. Elsevier, 1988. p. 186-207.

RODRIGUES, G. S. DE S. C.; ROSS, J. L. S. **A trajetória da cana-de-açúcar no Brasil: perspectivas geográfica, histórica e ambiental**. Uberlândia - MG: EDUFU, 2020.

SAXENA, J. Optimization of time-electric field combination for PPO inactivation in sugarcane juice by ohmic heating and its shelf life assessment. **LWT - Food Science and Technology**, v. 71, p. 329–338, 1 set. 2016.

SINGH, Balwinder et al. Phenolic composition and antioxidant potential of grain legume seeds: A review. **Food Research International**, v. 101, p. 1-16, 2017.

SINGH, Balwinder et al. Enzymatic browning of fruit and vegetables: A review. **Enzymes in food technology: Improvements and innovations**, p. 63-78, 2018
SOMMER, A. et al. Import, targeting, and processing of a plant polyphenol oxidase. **Plant physiology**, v. 105, n. 4, p. 1301–1311, 1994.

SONG, J.-J. et al. The crystal structure of the Argonaute2 PAZ domain reveals an RNA binding motif in RNAi effector complexes. **Nature Structural & Molecular Biology**, v. 10, n. 12, p. 1026–1032, 2003.

SONG, X. et al. Preparation and characterization of magnetic chitosan-modified diatomite for the removal of gallic acid and caffeic acid from sugar solution. **Carbohydrate polymers**, v. 219, p. 316–327, 2019.

SOUZA, G. M. et al. Assembly of the 373k gene space of the polyploid sugarcane genome reveals reservoirs of functional diversity in the world's leading biomass crop. **GigaScience**, v. 8, n. 12, p. 1–18, 2019.

SUBRAMANIAN, N. et al. Role of polyphenol oxidase and peroxidase in the generation of black tea theaflavins. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 47, n. 7, p. 2571–2578, 1999.

TAKETA, S. et al. Duplicate polyphenol oxidase genes on barley chromosome 2H and their functional differentiation in the phenol reaction of spikes and grains. **Journal of Experimental Botany**, v. 61, n. 14, p. 3983–3993, set. 2010.

TAN, H. The diversity of post-transcriptional gene silencing mediated by small silencing RNAs in plants. **Essays in Biochemistry**, v. 64, n. 6, p. 919–930, 2020.

TARANTO, F. et al. Molecular and physico-chemical evaluation of enzymatic browning of whole meal and dough in a collection of tetraploid wheats. **Journal of Cereal Science**, v. 55, n. 3, p. 405–414, maio 2012.

TARANTO, Francesca et al. Polyphenol oxidases in crops: Biochemical, physiological and genetic aspects. **International journal of molecular sciences**, v. 18, n. 2, p. 377, 2017.

- THIRUGNANASAMBANDAM, P. P. The challenge of analyzing the sugarcane genome. **Frontiers in plant science**, v. 9, p. 616, 2018.
- TRAN, L. T. The polyphenol oxidase gene family in land plants: Lineage-specific duplication and expansion. **BMC Genomics**, v. 13, n. 1, 16 ago. 2012.
- TREBST, A.; DEPKA, B. Polyphenol oxidase and photosynthesis research. **Photosynthesis Research**, v. 46, n. 1, p. 41–44, 1995.
- VAUGHN, K. C.; DUKE, S. O. Function of polyphenol oxidase in higher plants. **Physiologia Plantarum**, v. 60, n. 1, p. 106–112, 1984.
- VAUGHN, K. C.; LAX, A. R.; DUKE, S. O. Polyphenol oxidase: the chloroplast oxidase with no established function. **Physiologia Plantarum**, v. 72, n. 3, p. 659–665, 1988.
- VAUGHN, Kevin C.; LAX, Alan R.; DUKE, Stephen O. Polyphenol oxidase: the chloroplast oxidase with no established function. **Physiologia Plantarum**, v. 72, n. 3, p. 659-665, 1988.
- VELJOVIĆ JOVANOVIĆ, S. et al. Class III peroxidases: functions, localization and redox regulation of isoenzymes. **Antioxidants and antioxidant enzymes in higher plants**, p. 269-300, 2018.
- VICKERS, J. E. et al. Overexpression of polyphenol oxidase in transgenic sugarcane results in darker juice and raw sugar. **Crop Science**, v. 45, n. 1, p. 354–362, 2005.
- VIEIRA, Annelise et al. Understanding the Browning Reactions in Sweet Basil: Gene Cloning and RNAi Construct Development for Polyphenol Oxidase. **UF Journal of Undergraduate Research**, v. 22, 2020.
- WANG, L. et al. Degradations of aroma characteristics and changes of aroma related compounds, PPO activity, and antioxidant capacity in sugarcane juice during thermal process. **Journal of Food Science**, v. 85, n. 4, p. 1140–1150, 1 abr. 2020.
- WELINDER, K. G. et al. Structural diversity and transcription of class III peroxidases from *Arabidopsis thaliana*. **European Journal of Biochemistry**, v. 269, n. 24, p. 6063–6081, 2002.
- YADAV, S. et al. Accelerating genetic gain in sugarcane breeding using genomic selection. **Agronomy**, v. 10, n. 4, 1 abr. 2020.
- YALOVSKY, S. et al. Involvement of a chloroplast HSP70 heat shock protein in the integration of a protein (light-harvesting complex protein precursor) into the thylakoid membrane. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 89, n. 12, p. 5616–5619, 1992.
- YORUK, R.; MARSHALL, M. R. Physicochemical properties and function of plant polyphenol oxidase: a review 1. **Journal of food biochemistry**, v. 27, n. 5, p. 361-422, 2003.

ZAMORE, P. D. et al. RNAi: double-stranded RNA directs the ATP-dependent cleavage of mRNA at 21 to 23 nucleotide intervals. **cell**, v. 101, n. 1, p. 25–33, 2000.

ZHANG, J. et al. Allele-defined genome of the autopolyploid sugarcane *Saccharum spontaneum* L. **Nature Genetics**, v. 50, n. 11, p. 1565–1573, 1 nov. 2018.

CAPÍTULO 2: INFLUÊNCIA DO PERFIL METABÓLICO DO CALDO DE CANA-DE-AÇÚCAR (*Saccharum spp.*) NO ESCURECIMENTO ENZIMÁTICO EM DIFERENTES VARIEDADES

Resumo

A cana-de-açúcar é uma das principais culturas agrícolas para a produção de açúcar e para a agricultura moderna as variedades comerciais devem atender a demandas de produção agrônomicas e industriais. A formação de coloração no caldo após seu processamento é um grande gargalo para a indústria, pois aumenta o número de operações unitárias necessárias para a produção do açúcar branco. A enzima responsável pelo escurecimento enzimático é a polifenol oxidase (PPO). Essa enzima é capaz de produzir pigmentos de coloração escura a partir da oxidação de compostos fenólicos na presença de oxigênio. O escurecimento enzimático pode variar em função da variedade de cana-de-açúcar, do tecido e da idade da planta. Neste trabalho foram analisados o perfil metabólico e a atividade da PPO no caldo de quatro variedades de cana-de-açúcar, RB92579, RB07818, RB951541 e SP791011, em diferentes partes do colmo: terço superior (topo), terço inferior (meio) e terço inferior (base). Para avaliar quais compostos fenólicos são consumidos com a ação da PPO foi utilizado um inibidor enzimático (ácido ascórbico) e posterior avaliação metabólica, além da avaliação do efeito destes parâmetros na formação da cor do caldo. A variedade RB92579 apresentou maior concentração de compostos fenólicos utilizado como substrato pela PPO, as diferentes partes analisadas desta variedade também apresentaram diferença no perfil metabólico, atividade enzimática e coloração. A coloração desta variedade chegou a ser 70% mais escura que as demais avaliadas. As variedades RB07818, RB951541 e SP791011 não apresentaram diferença significativa em seu perfil metabólico independente das partes analisadas. Para todas as variedades o terço superior apresentou maior atividade da PPO. Entretanto, somente para a variedade RB92579 a PPO foi a principal responsável pelo escurecimento enzimático, este resultado pode ser relacionado a maior atividade enzimática e perfil metabólico, especialmente no terço superior. Os resultados observados neste trabalho auxiliam na compreensão do processo de escurecimento enzimático do caldo de cana-de-açúcar em diferentes variedades, bem como na dinâmica do escurecimento em função do perfil metabólico e tecidos da planta. Essas informações podem contribuir para o desenvolvimento de estratégias visando mitigar os efeitos negativos da atividade PPO em cana-de-açúcar.

3 INTRODUÇÃO

O escurecimento enzimático durante o processamento e armazenamento de produtos de origem vegetal é uma das principais causas da perda da qualidade sensorial e nutricional desses alimentos, o que gera desvalorização desses produtos no mercado (MOON et al., 2020; SINGH et al., 2018). Em cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*), o escurecimento enzimático afeta diretamente a produção de açúcar branco, pois quanto mais escuro o caldo, mais oneroso é o processamento para a clarificação (BUCHELI et al., 1994; MERSAD et al., 2003). A polifenol oxidase (PPO), é a principal enzima

responsável pela oxidação de fenóis e polifenóis, formando pigmentos marrons e consequente escurecimento do caldo de cana-de-açúcar após o processamento, entretanto também há a ação de enzimas correlatas como as peroxidases (POD) no processo de escurecimento (BUCHELI et al, 1994; MANOHAR et al., 2014; SINGH et al., 2018). O escurecimento enzimático ocorre em diferentes proporções nas plantas, dependendo da espécie, variedade, tecido, idade e disponibilidade de substratos e co-substratos para que a reação ocorra (BUCHELI et al., 1996; MAYER et al., 1979; VELJOVIC JOVANOVIĆ et al., 2018). Sendo assim, o perfil metabólico da cana-de-açúcar afeta diretamente o incremento de coloração do caldo de cana-de-açúcar após o processamento.

As PPO (EC 1.10.3.1) são enzimas que possuem centro ativo metálico dinuclear com dois íons de cobre ligados a seis resíduos de histidina (GERDEMANN et al., 2002), são amplamente distribuídas por todo o reino vegetal, potencialmente envolvidas em diversos papéis fisiológicos como, defesa de patógenos, resistência ao ataque de insetos, síntese de lignina e resposta aos estresses abióticos (JUKANTI, 2017; SULLIVAN, 2015). A PPO é uma oxirredutase, capaz de promover oxidação de compostos fenólicos em *o*-quinonas, que são compostos altamente reativos que dão origem as melaninas, em alguns casos, apontadas como as principais responsáveis pela cor escura dos alimentos vegetais processados (MAYER et al., 1979; TARANTO et al., 2017). As PPOs podem catalisar duas reações; primeira, o substrato fenólico é hidroxilado próximo ao grupo hidroxila predominante (atividade monofenol oxidase); e segunda, as *o*-benzoquinonas são formadas pela oxidação dos difenóis (atividade da difenol oxidase). Em cada uma das reações citadas acima o oxigênio molecular é utilizado como co-substrato (SINGH et al., 2018).

As POD (EC 1.11.1.7) também podem contribuir no escurecimento enzimático de vegetais, oxidando monofenóis na presença de peróxido de hidrogênio (H₂O₂) (DUNFORD et al., 1976). PODs são enzimas multifuncionais ligadas em uma ampla gama de processos fisiológicos, como no controle de espécies reativas de oxigênio (PASSARDI et al., 2007), porém sua atividade é limitada pela presença de H₂O₂ (SINGH et al., 2018). Esta enzima apresenta uma coparticipação no escurecimento pós-processamento, mas está relacionada a um escurecimento mais lento, gerando menor impacto no escurecimento imediatamente após o processamento como os PPOs (SINGH et al., 2018).

Em cana-de-açúcar, a atividade de ambas das enzimas é dependente do perfil de compostos fenólicos para que possam ser utilizados como substrato, este perfil metabólico varia entre as variedades disponíveis no mercado (COUTINHO et al., 2016; MANOHAR et al., 2014).

As variedades estudadas neste trabalho possuem um gradiente de cor que vai de uma cor marrom escura a uma cor mais clara, sendo respectivamente: RB92579, RB07818, RB951541 e SP791011. Para a produção de açúcar branco, a presença de pigmentos escuros como as melaninas é indesejada pela indústria açucareira, pois evitam a formação de cristais de sacarose, resultando em menores rendimentos de açúcar, qualidade inferior e maiores custos de refinamento (BUCHELI et al., 1994; JIMENEZ et al., 1981; RIFFER, 1988). Os açúcares escuros, como o açúcar mascavo e demerara, não passam por processo de clarificação ou passam por um processo mais brando. Possuem características que os classificam como alimentos nutracêuticos devido à sua composição rica em vitaminas, minerais, aminoácidos e fenóis, sendo os dois últimos consumidos por ação da PPO, fazendo com que este produto perca parte de suas características de interesse comercial (DAI et al., 2021; MCLARIN et al., 2020).

Em várias espécies, como batatas (*Solanum tuberosum*) (Bøjer Rasmussen et al., 2021), uva (*Vitis vinifera* ssp.) (Rapeanu et al., 2006), maçã (*Malus domestica*) (Ni Eidhin et al., 2006) e também em cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) (BUCHELI et al., 1994), PPOs foram identificadas como a principal causa do escurecimento enzimático pós-processamentos em produtos destas culturas. Em muitos estudos, as PPOs são estudadas para se desenvolverem mecanismos de controle de pós-processamento por meios físico-químicos (MARTINEZ et al., 1995; QUEIROZ et al., 2008; YAGUANG, 2007), ou para utilizar ferramentas biotecnológicas, como edição de genes e RNA interferente (RNAi) (ARMSTRONG et al., 2013; MAIOLI et al., 2020). O conhecimento do comportamento de PPO e POD em cana-de-açúcar nas variedades estudadas neste trabalho fornece um panorama de seus mecanismos enzimáticos e perfil metabólico para o desenvolvimento de novas variedades baseadas em biotecnologia vegetal, a fim de contornar os danos e custos à agroindústria pelo escurecimento enzimático interposto pelo PPO.

4 MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Coleta e Preparação de Material Vegetal

Foram utilizadas quatro variedades de cana-de-açúcar (*Saccharum spp.*) RB92579, RB07818, SP791011 e RB951541, cultivadas na base de pesquisa do Programa de Melhoramento Genético da Cana-de-Açúcar, na Universidade Federal de Alagoas em Rio Largo, Alagoas, Brasil. O material vegetal foi propagado a partir de mudas clonais, cultivadas em condições de campo e coletadas em estágio de maturação fisiológica (armazenamento máximo de sacarose) (MOORE et al., 2013). As amostras foram compostas por quatro réplicas biológicas, cada réplica biológica foi composta por três plantas. As amostras de cana-de-açúcar tiveram seu tamanho total dividido em três terços: topo (terço superior), meio (terço médio) e base (terço inferior) e imediatamente congeladas em nitrogênio líquido -196°C , transportadas em gelo seco -60°C e armazenadas em ultrafreezer a -80°C , até o momento da extração do caldo.

4.2 Extração de caldo de cana para análises bioquímicas e metabolômicas

O caldo de cada amostra e suas respectivas seções foram extraídos separadamente em moinho elétrico. O caldo de cada porção foi coletado em um tubo de centrífuga com tampa e dividido em duas amostras de 20 ml cada, onde uma foi tratada com 20 mM de ácido ascórbico para evitar a oxidação do caldo. As amostras foram imediatamente congeladas em nitrogênio líquido e armazenadas em ultrafreezer a -80°C .

4.3 Coloração ICUMSA

O índice de cor para amostras com ação enzimática não inibidas e inibidas foi determinado pelo Método ICUMSA GS2/3-9 (2005) (SINGH et al., 2013). Após diluição do caldo para obter um valor aproximado de SST (sólidos solúveis totais) equivalente a 1,25 °Brix, as amostras foram filtradas em filtro PTFE de 0,45 μm (Millipore) e o pH foi ajustado para 7,0 com HCl ou NaOH. Em seguida, a absorbância em 420 nm foi realizada em espectrofotômetro. O índice de cor foi determinado pela Equação 4.1.

Onde: abs: Absorbância da amostra lida em 420 nm; l: Caminho óptico (cm); Brix: Sólidos solúveis totais da amostra diluída de caldo de cana; Brix0: Leitura de

sólidos solúveis na amostra original; BrixC: Leitura de sólidos solúveis na amostra diluída com pH ajustado para $7,0 \pm 0,05$.

$$Cor\ Icumsa\ (420\ nm) = \frac{abs. 1000}{\rho \cdot \frac{Brix}{100} \cdot l} \quad (4.1)$$

$$\rho = 1 + \left(\left(Brix0 \cdot \frac{200 + BrixC}{5400} \right) \cdot \left(\frac{BrixC}{Brix0} \right) \right)$$

4.4 Efeito do pH, Concentração do substrato e Temperatura

O pH ideal foi determinado utilizando tampão fosfato, variando o pH de 5.5 – 8.0. Foi então determinado o pH ótimo para PPO e fixado o mesmo valor para utilizado para POD.

A influência da concentração de substrato nas velocidades de reação foi determinada com catecol, como substrato. Os caldos de cana foram incubados com concentração de catecol variando de 15 a 200 mM.

Para determinar o efeito da temperatura na PPO, alíquotas de caldo de cana foram pré-incubadas separadamente a 30 – 70°C e a atividade residual foi medida em intervalos de 15, 30 ou 60 min adaptado de (BUCHELI et al., 1994).

4.5 Ensaio de atividade da PPO

A atividade relativa da PPO utilizou catecol como substrato. O ensaio foi conduzido em microplaca de 96 poços, cada ensaio era composto por, 20 µl de caldo de cana-de-açúcar em um volume total de reação de 200 µl com concentração inicial do substrato catecol 100 mM em tampão fosfato 50 mM (pH 6,5). A atividade enzimática foi determinada medindo o aumento da absorbância a 420 nm por 5 minutos com um espectrofotômetro (SpectraMax M2, Molecular Devices) com temperatura controlada a 30°C. Como controle, o catecol foi substituído por tampão de reação. A atividade enzimática foi calculada a partir da porção linear da curva. Uma unidade de atividade de PPO foi definida como 1 µM de substrato oxidado, ou 1 µM de *o*-quinona formada, por minuto, usando um coeficiente de extinção de $1110\ M^{-1} \cdot cm^{-1}$ (BUCHELI et al., 1994; CHEEMA et al., 2015). Os resultados são a média de quatro ensaios.

4.6 Ensaio de atividade da POD

A atividade relativa da POD foi avaliada empregando guaiacol e peróxido de hidrogênio como substratos. O ensaio foi conduzido em microplaca de 96 poços, cada ensaio era composto por, 20 µl de caldo de cana-de-açúcar em um volume total de reação de 210 µl, com 0,35% de guaiacol e 0,2% de peróxido de oxigênio (H₂O₂) na presença de tampão fosfato 50 mM (pH 6,5). A atividade enzimática foi determinada medindo o aumento da absorbância a 470 nm por 5 minutos com um espectrofotômetro (SpectraMax M2, Molecular Devices) com temperatura controlada a 30°C. Como controle o peróxido de hidrogênio foi substituído por tampão. A atividade da enzima foi determinada medindo a velocidade inicial da curva cinética. Uma unidade de POD foi definida como a quantidade de enzima necessária para produzir 1 µmol de tetraguaiacol a partir de guaiacol, por minuto, em condições padrão considerando o uso de um coeficiente de extinção de 26.600 M⁻¹.cm⁻¹ (BUCHELI et al., 1994). Os resultados são a média de quatro ensaios.

4.7 Inibição seletiva na atividade da PPO e POD

Para determinar o impacto da atividade de cada enzima na coloração do caldo de cana-de-açúcar, foram utilizados inibidores específicos da atividade da PPO e POD, foram realizados ensaios em condições de velocidade inicial com as concentrações de 1,25 e 2,5 mM dos inibidores ácido salicilhidroxinâmico (SHAM), ácido ascórbico, ácido kójico e L-cisteína.

4.8 Efeito do ácido ascórbico na atividade da PPO e POD

Para definir o quanto de ácido ascórbico é necessário para inibir completamente a atividade da PPO, foram realizados ensaios, em condições de velocidade inicial e catecol como substrato, na presença de diferentes concentrações desse inibidor, variando de 0 a 20 mM no caldo de cana. Quando esta concentração foi definida, a atividade POD foi determinada na mesma condição. O valor de IC₅₀ foi definido como a concentração de inibidor que deu 50% de inibição da atividade máxima.

4.9 Análise do efeito do PPO e POD no escurecimento

As atividades de PPO e POD e a cor ICUMSA foram examinadas usando 4 réplicas biológicas na ausência e presença de 20 mM SHAM, ácido ascórbico e L-cisteína, separadamente. Para estabelecer a influência de PPO e POD no escurecimento

do caldo de cana-de-açúcar, foi considerada a correlação simples de Pearson entre atividade de PPO e índice de cor, ou atividade de POD e índice de cor. O efeito de POD e PPO no escurecimento do caldo de cana-de-açúcar foi determinado por análise de regressão múltipla a 5% de nível de significância. O coeficiente de correlação e os valores de p foram calculados entre o índice de cor atribuído à ação enzimática e as possíveis atividades enzimáticas envolvidas no desenvolvimento do escurecimento: PPO e POD. Os coeficientes de correlação de Pearson e a análise de regressão múltipla foram calculados tratando os dados biológicos de cada réplica como observações separadas.

O índice de cor atribuído à ação enzimática foi determinado com base nos caldos de cor quando PPO e POD foram completamente inibidos (na presença de 20 mM de ácido ascórbico) que é a cor observada para cada condição subtraída da cor quando 20 mM de ácido ascórbico é adicionado.

Atividades residuais calculadas considerando: Atividade Residual (%) = $(A_i/A_0) \cdot 100$, onde A_0 é a atividade da enzima sem inibidor e A_i é a atividade da enzima com inibidor. Testes de controle para inibidores mais substrato mais tampão também foram realizados em condições de ensaio. A análise de variância e as análises de correlação e regressão foram realizadas com o software Statistica™ (Statsoft™, EUA).

4.10 Extração de compostos fenólicos de amostras de caldo de cana

As amostras de caldo de cana obtidas dos terços superior (Topo), mediano (Meio) e inferior (Base) dos colmos das variedades de cana-de-açúcar RB92579 (579), RB07818 (818), SP791011 (1011), RB951541 (1541) (com e sem adição de 20 mM de solução de ácido ascórbico) foram submetidos a um procedimento de extração de compostos fenólicos por partição líquida utilizando acetato de etila (grau HPLC).

Primeiramente, as amostras de caldo de cana congeladas, foram estabilizadas em temperatura de 25°C em banho-maria. Alíquotas de 4 ml foram transferidas de cada amostra em triplicata para frascos cônicos de 15 ml, em seguida as amostras foram acidificadas pela adição de 4 µl de HCl concentrado e agitado em vórtex por 30 segundos. Em seguida, 5 µl de uma solução de 1,0 mg/ml de crisina em etanol foi adicionado a cada amostra como padrão interno para quantificação relativa.

A extração dos compostos fenólicos das amostras foi realizada por partição com 4 ml de acetato de etila (grau HPLC), vortex por 30 segundos e submetido à centrifugação a 5000 x g por 5 min. Após centrifugação, a camada orgânica foi coletada

e transferida para frascos cônicos de 15 ml. O procedimento de extração foi repetido mais duas vezes, juntando a camada orgânica coletada com a da primeira extração. Os extratos de acetato de etila foram secos em vácuo centrífugo antes da análise do perfil metabólico por LC-DAD-HRMS e LC-DAD-MS/MS.

4.11 Preparação de extratos de caldo de cana para análise por LC-DAD-HRMS e LC DAD-MS/MS

Para a preparação das amostras para as análises LC-DAD-HRMS e LC-DAD-MS/MS, os extratos obtidos da seção acima foram dissolvidos em 1,0 ml de uma mistura de água (Milli-Q)/acetonitrila (grau LC-MS) (1:1, v/v) e, em seguida, filtrada através de um filtro de seringa (0,22 μ m) em frascos de vidro de 1,5 ml (certificado LC-MS). Um branco de solvente de água (Milli-Q)/acetonitrila (1:1), também foi preparado para subtrair quaisquer sinais de interferência de solvente na etapa de processamento de dados. Uma amostra de referência contendo uma mistura de extratos de caldo de cana-de-açúcar dos terços superior, médio e base foi usada para alinhar os cromatogramas durante o processamento dos dados.

4.12 Análise dos extratos por LC-DAD-HRMS e LC-DAD-MS/MS

Para a análise dos extratos foi utilizado um cromatógrafo Shimadzu[®] Nexera X2[®] LC-30AD, equipado com um detector de diodos UV/Vis (DAD) acoplado a um espectrômetro de massas com analisador qTOF de alta resolução modelo Bruker[®] Maxis 4G[®].

A análise cromatográfica dos extratos foi realizada em coluna cromatográfica modelo Macherey-Nagel[®] EC 125/4 Nucleosil[®] 100-5 C18, com 4,0 mm (diâmetro interno) x 125 mm (comprimento) x 5,0 μ m (tamanho da partícula), em conjunto com um modelo pré-coluna Macherey-Nagel[®] CC 8/4 Nucleosil[®] 100-5 C18, 4,0 mm (diâmetro interno) x 8 mm (comprimento) x 5,0 μ m (tamanho da partícula), colocado em estufa mantida a 40°C e usando H₂O com 0,1% de ácido fórmico como solvente “A” e acetonitrila com 0,1% de ácido fórmico como solvente “B”. Um sistema de eluição de gradiente foi usado, incluindo as etapas de limpeza e reestabilização da coluna, como segue: 0 min (15% B), 2 min (15% B), 19 min (98% B), 23 min (98% B), 23,1 min (15% B), 27 min (15% B). A vazão utilizada neste método foi de 0,6 ml/min e o volume de injeção das amostras utilizadas foi de 4 μ l, sendo as amostras mantidas na entrada automática a 10°C.

A análise de espectrometria de massa de alta resolução (HRMS) foi realizada usando uma fonte de ionização por eletrospray (ESI), varredura para obter dados nos modos de ionização positivo e negativo, usando as seguintes condições: tensão capilar - 3,8 kV, pressão do nebulizador - 5,0 Bar, fluxo de gás de secagem - 9,0 l/min, temperatura do cone - 220°C, faixa de massa - 80 a 1000 m/z, taxa de coleta de espectros - 2,00 Hz. A análise por espectrometria de massa em tandem (MS/MS) foi realizada nas mesmas condições descritas para a análise HRMS, com os espectros de fragmentação dos metabólitos presentes nos extratos sendo obtidos no modo Auto MS/MS.

4.13 Processamento de dados e análise multivariada

Os dados obtidos após a análise dos extratos por LC-DAD-HRMS foram pré-tratados e pré-processados para análise multivariada. Os dados MS foram adquiridos no modo de comutação. Os dados obtidos foram separados entre o modo de ionização positivo e negativo e convertidos para o formato mzML com o software MSConvert do pacote ProteoWizard 3.0.6002 (Proteowizard Software Foundation). Os dados classificados foram processados pelo MZmine 2.32 (projeto MZmine 2) para detecção de pico, filtragem de pico, construção de cromatogramas, deconvolução de cromatogramas, agrupamento de picos isotópicos, alinhamento de cromatogramas, preenchimento de lacunas e busca de adutos e identificação de picos usando um banco de dados de compostos online (KEGG Compound Database). Os seguintes parâmetros MZmine foram utilizados para o processamento dos dados: nível de ruído em 5×10^2 (modo negativo) e 1×10^3 (modo positivo); função gaussiana para a forma do pico; altura mínima do pico em 1×10^3 (modo negativo) e 5×10^3 (modo positivo); e tolerância m/z a 0,003 m/z ou 10,0 ppm.

Os dados processados no software mzMine 2.32 foram exportados como tabelas contendo as áreas de pico, tempo de retenção e massa exata para cada extrato analisado. Essas tabelas foram utilizadas para a análise estatística multivariada dos dados.

Os dados pré-tratados, apresentados como área de pico dos metabólitos detectados nos extratos de caldo de cana, foram submetidos a um tratamento no software MS Excel[®]. Primeiro, o branco foi subtraído manualmente e, em seguida, as áreas dos picos dos metabólitos detectados foram divididas pela área dos picos do IS (crisina) para cada extrato. Posteriormente, foi calculado o valor médio da área do pico para as réplicas de cada amostra e, por fim, os dados obtidos foram centrados na média

e escalonados pelo método de Pareto (EQUAÇÃO 4.2). Essa etapa foi realizada para dimensionar os dados a fim de realizar uma comparação confiável pela análise multivariada.

$$\hat{x}_n = \left(\frac{x_n - \bar{x}}{\sqrt{\sigma}} \right) \quad (4.2)$$

Os dados do perfil metabólico das amostras de caldo de cana (amostras com e sem adição de ácido ascórbico), após a etapa de tratamento, foram submetidos aos seguintes métodos não supervisionados de análise multivariada: Análise de Componentes Principais (PCA – Análise de Componentes Principais) e Agrupamento Hierárquico Análise (HCA – Hierarchical Cluster Analysis) pelo método de Ward 33. Para realizar essas análises foi utilizado o PAST versão 4.0.

5 RESULTADOS

5.1 Coloração do Caldo

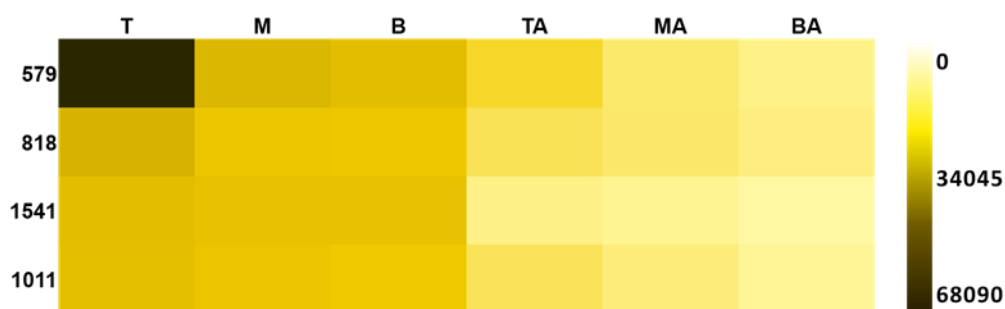
A atividade das enzimas PPO e POD em cana-de-açúcar, pode diferir em função da variedade, idade, tecido e idade do tecido (Bucheli et al., 1996). Esses parâmetros vão influenciar diretamente no escurecimento enzimático pós-processamento da cana-de-açúcar. A variedade RB92579 possui caldo escuro, enquanto as variedades RB07818, RB951541 possuem coloração intermediária/clara, enquanto SP791011 é considerada como coloração clara.

Para determinar qual a contribuição dessas enzimas na coloração atribuída a atividade enzimática, primeiro foi necessário inibir a ação de ambas com a presença do inibidor ácido ascórbico. A atividade da PPO foi monitorada na presença de diferentes concentrações de ácido ascórbico e foi completamente inibida com 15 mM para o caldo de cana das variedades RB07818, RB951541 e SP791011. A PPO da variedade RB92579 foi completamente inibida na presença de ácido ascórbico 20 mM, esses dados estão descritos no apêndice (TABELAS A9-A12). O IC50 era de 10,68; 7,23; 7,73 e 7,46 respectivamente para as variedades RB07818, RB951541 e SP791011. Quando esta concentração foi definida, a atividade POD foi determinada na mesma condição (HITHAMANI et al., 2018; KAAVYA et al., 2019). Com a inibição da ação

das enzimas PPO e POD por meio da adição de ácido ascórbico há uma clara diferença na coloração entre as amostras (FIGURA 5.1).

A variedade RB92579 apresentou coloração mais escura entre as variedades para todas as amostras sem adição de ácido ascórbico, sendo a amostra topo (T) a com maior escurecimento. Em todas as variedades, a amostra topo apresenta o maior escurecimento, e há uma sutil diferença entre as amostras media (M) e base (B), exceto para a variedade RB951541 que ao analisar a interseção dos intervalos de confiança as amostras apresentam uma coloração semelhante.

Figura 5.1 - Gráfico matricial (*heatmap*) a partir dos dados da coloração ICUMSA obtidos no caldo das variedades de cana-de-açúcar com e sem adição de ácido ascórbico.

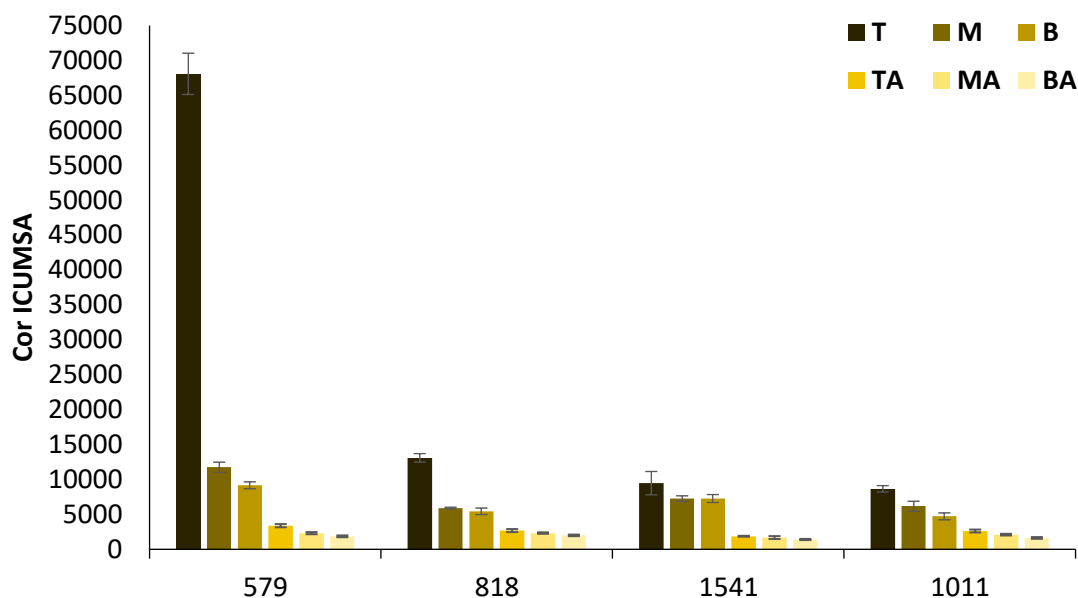


Legenda: T - Amostra do topo sem adição de ácido ascórbico; TA - Amostra do topo com adição de ácido ascórbico; M - Amostra do terço mediano (meio) sem adição de ácido ascórbico; MA - Amostra do meio do caule com adição de ácido ascórbico; B - Amostra da base do caule sem adição de ácido ascórbico; BA - Amostra da base do caule com adição de ácido ascórbico; 579 – Variedade RB92579; 818 – Variedade RB07818; 1011 – Variedade SP791011; 1541 – Variedade RB951541.

Fonte: Do autor (2022)

O mesmo padrão é observado entre as amostras com o inibidor enzimático, porém com menores valores de coloração ICUMSA. Comparando as duas condições experimentais, uma em que há a adição de ácido ascórbico no caldo, e a outra onde não há a adição de ácido ascórbico. É possível observar a contribuição da ação enzimática no escurecimento, entre as amostras com ação enzimática inibida, e em função das regiões do colmo analisadas, e entre as variedades o que possivelmente está atribuído a sua composição química (FIGURA 5.2).

Figura 5.2 – Gráfico de Barras Gráfico para dados da coloração ICUMSA obtidos no caldo das variedades de cana-de-açúcar com e sem adição de ácido ascórbico.



Legenda: T - Amostra do topo sem adição de ácido ascórbico; TA - Amostra do topo com adição de ácido ascórbico; M - Amostra do terço mediano (meio) sem adição de ácido ascórbico; MA - Amostra do meio do caule com adição de ácido ascórbico; B - Amostra da base do caule sem adição de ácido ascórbico; BA - Amostra da base do caule com adição de ácido ascórbico; 579 – Variedade RB92579; 818 – Variedade RB07818; 1011 – Variedade SP791011; 1541 – Variedade RB951541. As barras representam intervalo de confiança de 95%.

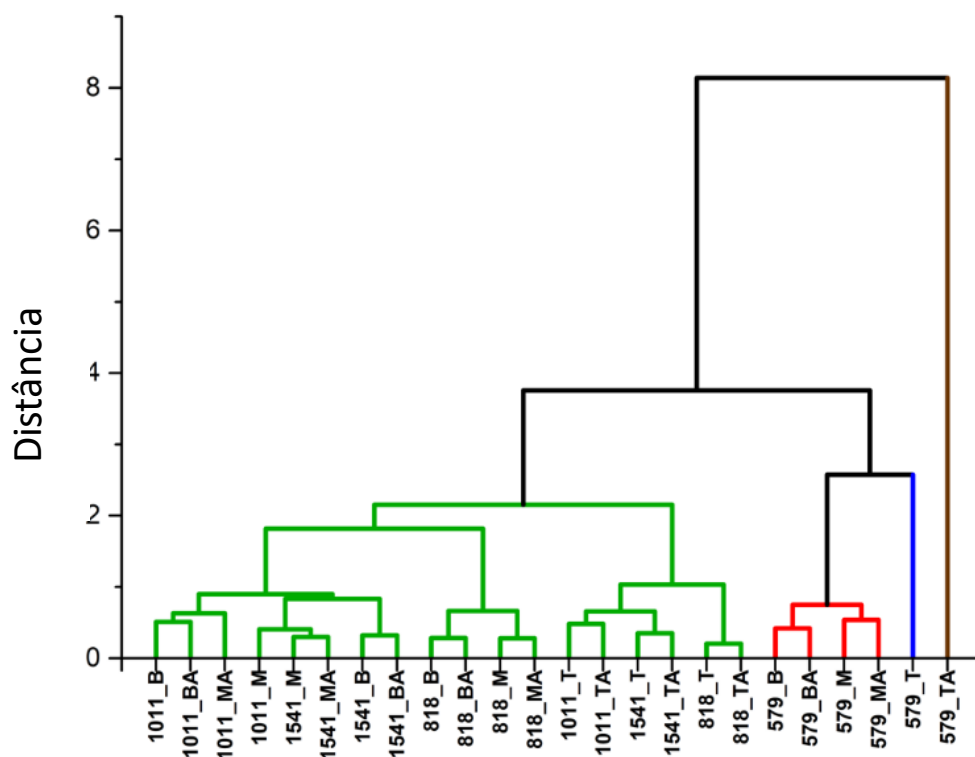
Fonte: Do autor (2022)

5.2 Perfil metabólico de amostras de caldo de cana por LC-DAD-HRMS e LC-DAD-MS/MS

Análises e processamento de dados de 72 extratos de caldo de cana por LC-DAD-HRMS registraram 314 e 1.536 picos nos modos negativo e positivo, respectivamente. Os resultados de modo negativo foram utilizados como base para análise do perfil metabólico do caldo de diferentes variedades de cana-de-açúcar. A análise dos dados do modo positivo indica um alto nível de fragmentação do metabólito na fonte, produzindo o número muito alto de picos registrados após o processamento dos dados.

O dendrograma obtido após a análise de HCA e a pontuação do gráfico de dispersão obtida pela análise de PCA, para os dados dos extratos de caldo das amostras de cana-de-açúcar, estão representados nas Figuras 5.3 e 5.4, respectivamente.

Figura 5.3 - Dendrograma de análise de HCA para dados obtidos de extratos de caldo de cana



Legenda: T – Amostra do topo do caule sem adição de ácido ascórbico; TA – Amostra do topo do caule com adição de ácido ascórbico; M – Amostra do meio do caule sem adição de ácido ascórbico; MA – Amostra do meio do caule com adição de ácido ascórbico; B – Amostra da base do caule sem adição de ácido ascórbico; BA – Amostra da base do caule com adição de ácido ascórbico; 579 – Variedade RB92579; 818 – Variedade RB07818; 1011 – Variedade SP791011; 1541 – Variedade RB951541.

Fonte: Do autor (2022)

A partir dos dados processados da análise LC-DAD-HRMS foi criado um gráfico matricial (*heatmap*) utilizado para realizar a análise multivariada, a fim de facilitar a visualização das variáveis discriminantes (metabólitos) para as amostras de caldo de cana das quatro variedades analisadas. O gráfico de plotagem de matriz é mostrado na Figura 2.5.

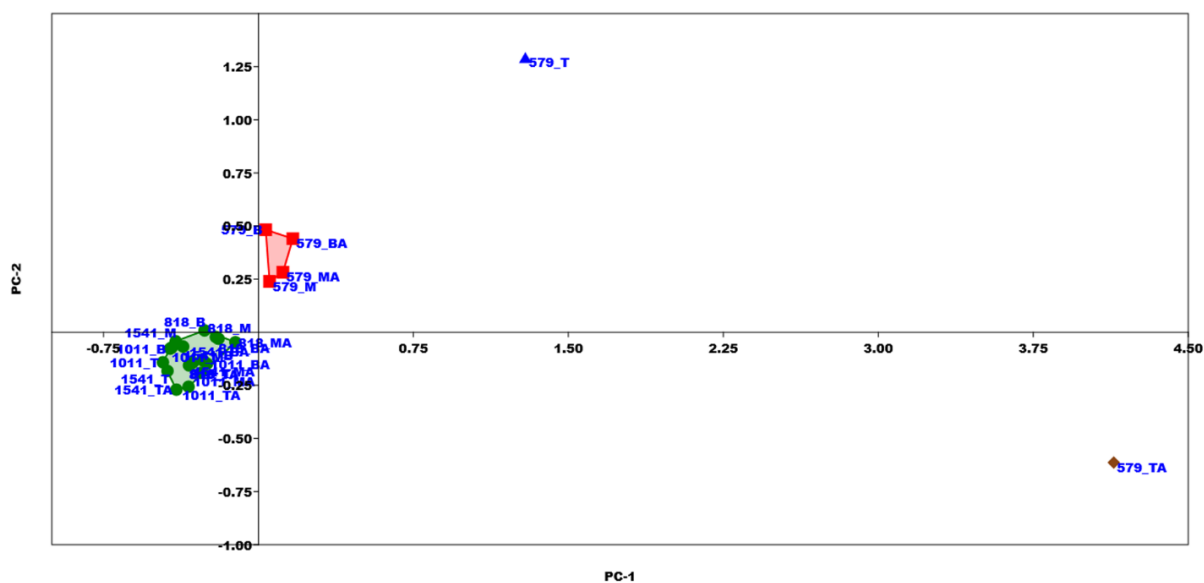


Figura 5.4 - Score scatter plot obtido a partir da análise de PCA realizada com dados obtidos de extratos de caldo de cana.

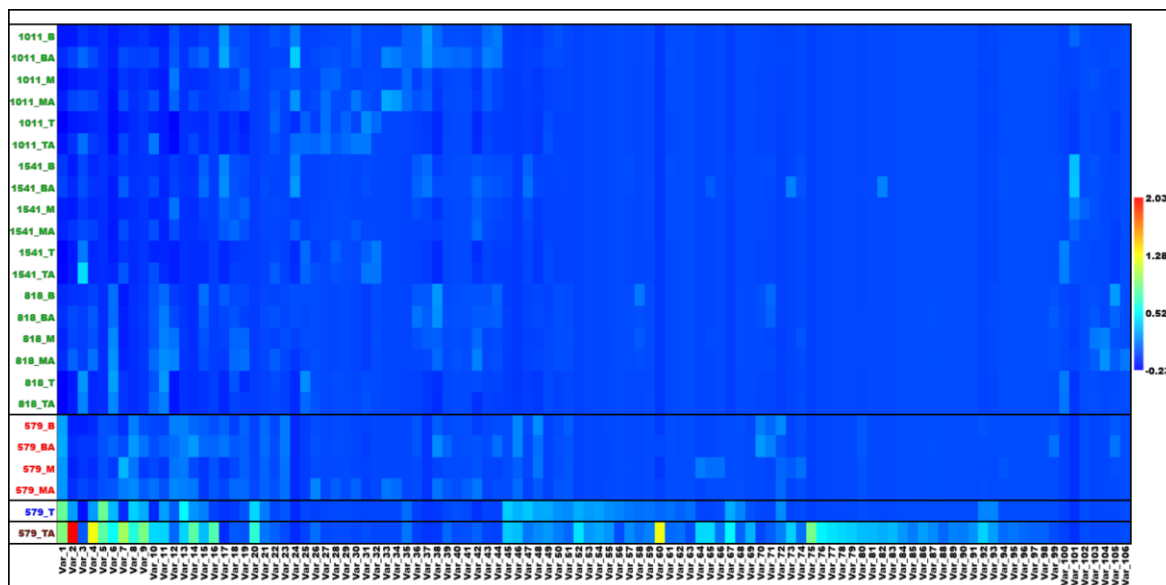
Legenda: T – Amostra do topo do caule sem adição de ácido ascórbico; TA – Amostra do topo do caule com adição de ácido ascórbico; M – Amostra do meio do caule sem adição de ácido ascórbico; MA – Amostra do meio do caule com adição de ácido ascórbico; B – Amostra da base do caule sem adição de ácido ascórbico; BA – Amostra da base do caule com adição de ácido ascórbico; 579 – Variedade RB92579; 818 – Variedade RB07818; 1011 – Variedade SP791011; 1541 – Variedade RB951541.

Fonte: Do autor (2022)

Os resultados obtidos a partir da análise multivariada dos dados do perfil metabólico das amostras de caldo de cana (para as quatro variedades analisadas), obtidos por LC-DAD-HRMS, indicam a existência de uma diferença significativa no perfil metabólico das amostras da variedade RB92579, em especial, do caldo de cana obtido da parte superior do caule, em comparação com as demais variedades analisadas. Há também uma diferença significativa no perfil metabólico entre os extratos de caldo de cana do topo do caule com e sem adição de ácido ascórbico para as amostras da variedade RB92579, o que indica que esta parte do caule da cana é mais rica em

metabólitos utilizados como substratos pelas enzimas polifenol oxidase, uma vez que o ácido ascórbico inibe a oxidação catalisada por essas enzimas.

Figura 5.5-Gráfico de matriz (Heatmap) dos dados obtidos dos extratos de caldo de cana-de-açúcar, cores mais quentes (vermelho e amarelo) indicam maior abundância de metabólitos na amostra e cores mais frias (azul claro e escuro) indicam menor abundância de metabólitos.



Legenda: T – Amostra do topo do caule sem adição de ácido ascórbico; TA – Amostra do topo do caule com adição de ácido ascórbico; M – Amostra do meio do caule sem adição de ácido ascórbico; MA – Amostra do meio do caule com adição de ácido ascórbico; B – Amostra da base do caule sem adição de ácido ascórbico; BA – Amostra da base do caule com adição de ácido ascórbico; 579 – Variedade RB92579; 818 – Variedade RB07818; 1011 – Variedade SP791011; 1541 – Variedade RB951541. As variáveis (var) estão descritas no apêndice 1.

Fonte: Do autor (2022)

A análise multivariada dos dados também revelou que não há diferenças significativas para os perfis metabólicos dos extratos obtidos das amostras de caldo de cana das variedades RB07818, SP791011 e RB951541, nem quanto à origem do caldo em relação às partes do colmo (topo, meio e base). Esse resultado indica similaridade qualitativa e quantitativa em relação aos metabólitos fenólicos presentes no caule (substratos para as enzimas polifenol oxidases) nessas variedades, bem como uma maior homogeneidade metabólica em toda a extensão do caule quando comparada a variedade RB92579.

Os metabólitos discriminantes para cada grupo proposto foram definidos pela análise do gráfico de matriz e valores das cargas na análise de PCA, e a identificação

desses metabólitos na etapa de desreplicação foi realizada com base nos dados da análise LC-DAD-MS/MS. Os metabólitos discriminantes identificados pela análise LC-DAD-MS/MS foram mostrados no Material Suplementar (TABELA A14, Apêndice 01).

Os resultados da etapa de desreplicação dos principais metabólitos discriminantes indicam que a variedade RB92579 é mais rica em compostos fenólicos em comparação com as demais variedades analisadas, principalmente na parte superior do caule. Os principais compostos identificados nos extratos de caldo de cana-de-açúcar na parte superior do caule da variedade RB92579 são os ácidos cafeoilquínicos [5-O-(*E*)-ácido cafeoilquínico (composto 2), ácido 4-O-(*E*)-cafeoilquínico (composto 9), ácido 3-O-(*E*)-cafeoilquínico (composto 60) e ácido 3,4-di-O-(*E*)-cafeoilquínico (composto 75)], flavonóide C e O-glicosilado [orientina (composto 1), vitexina (composto 5), lutolin-7-O-hexósido (composto 8); taxifolin-3-O-glucósido ou taxifolin-7-O-glucósido (composto 16) e maysin (composto 20)], luteolina (composto 14) e o ácido trans-aconítico (composto 7).

5.2 Atividade enzimática

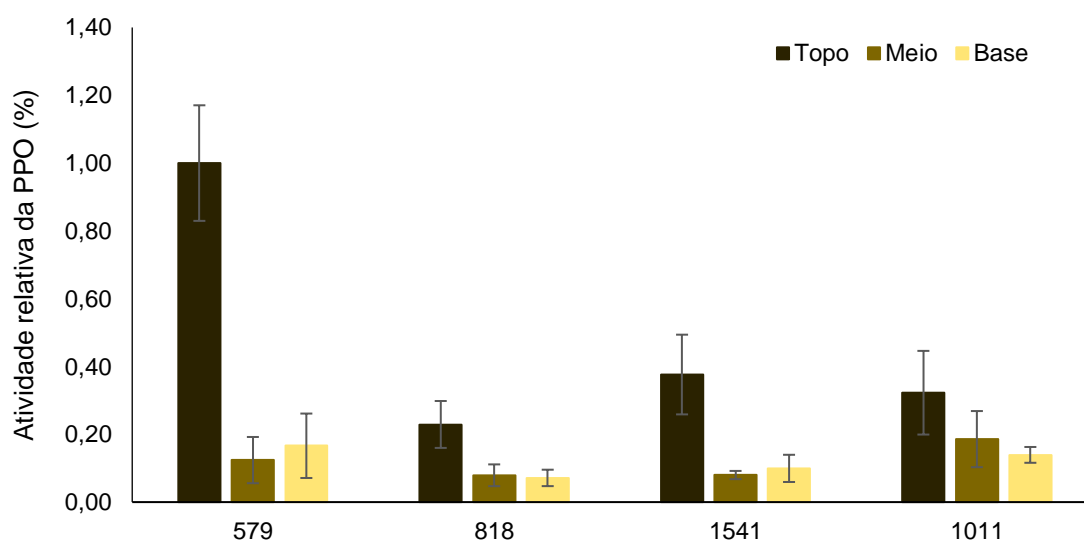
É possível observar a variação da atividade enzimática dos PPOs em função da variedade e da amostra, assim como foi observado na coloração e composição química. A parte definida como topo apresentou a maior atividade enzimática em relação a todas as demais partes das variedades meio e base, com a variedade RB92579 se destacando na parte superior por apresentar maior atividade que as demais. Ao observar os intervalos de confiança é possível notar que estatisticamente, não há diferença significativa na atividade enzimática entre as amostras da variedade SP791011, e para as variedades RB07818 e RB951541 somente a parte superior apresentou diferença significativa na atividade enzimática da PPO (FIGURA 5.6). Todos os parâmetros bioquímicos avaliados para realizar a análise de atividade enzimática estão disponíveis no apêndice 01.

Além da PPO a ação a POD pode influenciar no escurecimento enzimático pós-processamento, deste modo avaliar a participação de cada enzima neste processo é

necessário para entender este mecanismo. Esta análise pode ser realizada com o uso de inibidores seletivos como L-cisteína, ácido salicílicohidroxâmico (SHAM) e ácido ascórbico.

Os efeitos dos inibidores 20 mM nas atividades de PPOs e PODs e na coloração do caldo de cana estão resumidos na Tabela 5.1 considerando a média das réplicas biológicas. 100% de cor residual ou PPO e POD correspondem a taxas de reação idênticas de uma condição de referência sem um inibidor, ~0,00 corresponde a uma condição de referência de inibição enzimática total.

Figura 5.6 - Atividade enzimática relativa da PPO nas partes do colmo de cana-de-açúcar



Legenda: Gráfico de barras com intervalo de confiança de 95% da atividade enzimática relativa; 579 –RB92579; 818 –RB07818; 1011 –SP791011; 1541 – RB951541.

Fonte: Do autor (2022)

Para as demais variedades com caldo considerado claro, a ação do PPO não apresenta relevância na coloração; isso pode ser observado analisando os tratamentos.

Com os inibidores L-cisteína e SHAM. A L-cisteína apresenta maior capacidade de inibir a ação das PPOs, comparado com o SHAM; avaliando estes dois tratamentos mesmo com maior atividade de PPO, não há aumento significativo da cor.

Tabela 5.1-Efeito dos inibidores enzimáticos na atividade PPO e POD na e coloração caldo de cana-de-açúcar.

| Variedade | Inibidor | Res. PPO (%) | Res. POD (%) | ICUMSA (UI) | Cor Enz. (%) |
|------------------|-------------------|---------------------|---------------------|--------------------|---------------------|
| RB92579 | Controle | 100±0.0 | 100±0.0 | 76208.99±3556.58 | 88.78±1.01 |
| | L-cisteína | 0.64 ± | 51.78 ± | 18509.56±1286.32 | 14.36±2.65 |
| | | 0.56 | 9.78 | | |
| | SHAM | 3.04 ± | 39.87 ± | 11068.63±1448.92 | 5.17±1.03 |
| | 1.54 | 0.93 | | | |
| | Ácido Asc | 0.10 ± | 0.00 ± | 7575.22±488.16 | 0.00±0.00 |
| | | 0.00 | 0.00 | | |
| RB07818 | Controle | 100±0.0 | 100±0.0 | 11699.12±673.18 | 79.13±2.77 |
| | L-cisteína | 2.57 ± 0.76 | 46.52 ± | 7147.31±738.86 | 56.45±6.96 |
| | | | 17.03 | | |
| | SHAM | 49.46 ± | 62.19 ± | 7200.40±975.74 | 40.60±8.69 |
| | 6.71 | 7.59 | | | |
| | Ácido Asc | 0.59 ± 0.54 | 0.04 ± 0.04 | 2216.29±188.88 | 0.00±0.00 |
| | | | | | |
| RB951541 | Controle | 100 ± 0.0 | 100 ± 0.0 | 11544.20±1924.79 | 73.53±2.77 |
| | L-cisteína | 1.57 ± 0.53 | 36.48 ± | 7485.07±694.09 | 38.75±6.28 |
| | | | 17.56 | | |
| | SHAM | 26.72 ± | 53.88 ± | 6902.48±53.50 | 34.11±11,46 |
| | 5.34 | 6.06 | | | |
| | Ácido Asc | 1.26 ± 1.08 | 0.03 ± 0.03 | 2648.56±176.69 | 0.00±0.00 |
| | | | | | |
| SP791011 | Controle | 100±0.0 | 100±0.0 | 7567.77±1088.98 | 82.56±4.51 |
| | L-cisteína | 2.39 ± 0.25 | 24.16 ± | 5034.26±778.97 | 30.17±1.41 |
| | | | 11.01 | | |
| | SHAM | 44.80 ± | 49.95 ± | 4050.87±118.75 | 29.62±2.15 |
| | 2.99 | 1.25 | | | |
| | Ácido Asc | 0.06 ± 0.07 | 0.00 ± 0.00 | 1669.92±309.13 | 0.00±0.00 |
| | | | | | |

Legenda: Res. PPO - Atividade enzimática residual PPO; Res. POD - Atividade enzimática residual POD; ICUMSA (UI) - cor ICUMSA; Cor Enz. - Cor atribuída à atividade enzimática; SHAM - Ácido salicilhidroxâmico; Asc. Ácido - Ácido ascórbico; Controle - grupo controle sem inibição enzimática.

A variedade RB92579 possui a coloração do caldo oitenta vezes mais escura que as demais variedades analisadas, e possui o maior aumento na coloração por ação enzimática da PPO, além da menor participação da POD. Para esta variedade, mesmo quando o PPO é inibida e há maior atividade da POD, o incremento máximo é de $14,36 \pm 2,65\%$ na coloração.

Para determinar se alguma atividade enzimática estava estatisticamente inter-relacionada com o desenvolvimento de coloração em caldos de cana, os coeficientes de correlação de Person (r) foram determinados quando os dados foram analisados para cada variedade de cana (TABELA 5.2). As réplicas biológicas foram consideradas separadamente.

Ambas das atividades enzimáticas mostraram uma correlação significativa com a taxa de coloração para todas as variedades, de modo que a taxa de coloração foi positivamente correlacionada com as atividades PPO e POD.

Tabela 5.2- Coeficientes de correlação de Pearson (r) entre o índice de cor atribuído à ação enzimática e as atividades de PPO e POD em diferentes variedades de cana-de-açúcar.

| Coeficiente de correlação de Pearson (r) | | |
|--|------------|------------|
| Variedade | PPO | POD |
| RB92579 | 0.954 | 0.875 |
| RB07818 | 0.873 | 0.931 |
| RB951541 | 0.858 | 0.920 |
| SP791011 | 0.821 | 0.854 |

As atividades residuais de PPO e POD, na presença de diferentes inibidores e seus respectivos valores de cor ICUMSA, foram submetidas à análise de regressão múltipla, considerando as réplicas biológicas, separadamente. A regressão é apresentada como um coeficiente padronizado que permite comparar a contribuição relativa de cada variável independente na predição da variável dependente. Apenas a variedade de cana-de-açúcar RB92579 foi significativamente afetada pela atividade da PPO com significância estabelecida em $p < 0,05$. Deste modo, a atividade da PPO é o principal fator envolvido no aumento da coloração para RB92579 (TABELA 5.3). Dependendo da variedade, ambas as enzimas foram significativa e positivamente correlacionadas com a cor ICUMSA.

Tabela 5.3- Coeficientes padronizados para regressão múltipla do índice de cor baseado nas atividades PPO e POD.

| Variedade | Coeficiente Padronizado | | |
|-----------|-------------------------|--------|--------|
| | R ² | PPO | POD |
| RB92579 | 0.932 | 0.736* | 0.262 |
| RB07818 | 0.886 | 0.277 | 0.693* |
| RB951541 | 0.862 | 0.244 | 0.709* |
| SP791011 | 0.73 | -0.02 | 0.874 |

*Significância $p < 0,05$

6 DISCUSSÃO

A coloração enzimática em vegetais está correlacionada com alguns fatores principais como variedade, tecido vegetal, estágio de desenvolvimento, atividade e concentração enzimática, além da presença de substratos e cofatores para que a reação enzimática ocorra (HE et al., 2007; SINGH et al., 2018; VAMOS-VIGYÁZÓ, 1981). Para as variedades de cana-de-açúcar avaliadas neste trabalho, as atividades enzimáticas variaram em função de alguns destes fatores avaliados, sendo possível observar que a parte superior possui coloração mais escura, e maior atividade enzimática que as demais porções do caule, exceto para a variedade SP791011 (Figuras 2.1, 2.3 e 2.6). Os tecidos metabolicamente mais ativos, por estarem em desenvolvimento, como folhas jovens, regiões meristemáticas e colmos imaturos, apresentam uma maior atividade da PPO (BUCHELI et al., 1996).

Na estrutura celular, os PPOs estão localizados nos plastídios, na membrana dos tilacoides dos cloroplastos (MAYER et al., 1979; TOLBERT, 1973; YORUK et al., 2003), fisicamente separados de seus substratos fenólicos compartimentados nos vacúolos e a reação de escurecimento só ocorre quando esses compartimentos subcelulares são rompidos, pelo processo de injúrias, estresse ou senescência (JUKANTI, 2017; YORUK et al., 2003). A POD é uma enzima que pertence ao grupo das oxidases que utilizam o peróxido de hidrogênio (H₂O₂) como catalisador para a oxidação de uma ampla gama de compostos fenólicos (DUNFORD et al., 1976). Devido às suas características fisiológicas, essas enzimas estão mais presentes em tecidos metabolicamente ativos ou em desenvolvimento, do que em tecidos de armazenamento, como a parte interna do caule (BUCHELI et al., 1996; MANOHAR et al., 2014).

Embora a atividade da PPO não seja a principal responsável pelo escurecimento em todas as variedades como podemos observar nas Tabelas 2.2 e 2.3, há uma maior atividade da PPO nas amostras superiores do colmo e atividade progressivamente reduzida do topo para a base, independente da variedade, como observado em outras estudos (BUCHELI et al., 1996; MANOHAR et al., 2014). Este dado indica que a amostra que corresponde ao terço superior do colmo é o principal responsável pelo escurecimento enzimático pós processamento da cana-de-açúcar.

A relevância da PPO no escurecimento pode ser observada para a variedade RB92579, sua coloração é superior quando comparado às demais variedades, RB07818, RB951541 e SP791011, ou seja, quanto maior a atividade da PPO mais escuro é o caldo obtido (TABELA 2.1). As variedades que apresentam escurecimento relacionado a POD, possuem coloração mais clara (FIGURAS 2.1, 2.2 E TABELA 2.1, 2.3), este fato também está relacionado a composição química do caldo que variam em função da variedade, como é observado para extratos obtidos a partir de folhas de diferentes variedades de cana-de-açúcar (COUTINHO et al., 2016) (FIGURA 2.4).

Os resultados obtidos pela análise do perfil metabólico dos extratos de caldo de cana indicam que há diferença (quali e quantitativa) na composição de metabólitos fenólicos entre a variedade RB92579, principalmente no caldo obtido da parte superior do caule, e os demais variedades (RB07818, RB951541 e SP791011), juntamente com as diferenças observadas para a atividade enzimática da PPO, podem explicar a causa do maior escurecimento do caldo de cana da variedade RB92579 quando comparado às demais variedades estudadas. A composição fenólica é uma característica intrínseca de cada variedade, mesmo cultivada em condições semelhantes, e atinge sua concentração máxima próxima ao seu estado fisiológico de maturação (Coutinho et al., 2016; Manohar et al., 2014). Variedades consideradas de “caldo claro” possuem menor concentração de compostos fenólicos totais, este aspecto somado a atividade enzimática são os principais fatores que vão influenciar na coloração final do caldo. Os compostos fenólicos com grupo catecol são destacados como principal substrato para a PPO (McLarin et al., 2020), os substratos preferenciais para a PPO podem variar conforme a espécie como em batata, maçã (*Malus domestica*) (ZHOU et al., 1993), os principais substratos são ácido clorogênico e catecol, e para o girassol (*Helianthus annuus*) é o ácido gálico (RAYMOND et al., 1993) em ambos dos casos, difenóis. Isso sugere que o tipo de compostos fenólicos presentes influencia no escurecimento do caldo de cana, o que fica evidenciado com os dados apresentados neste trabalho.

O caldo do topo do caule das amostras da variedade RB92579 é mais rico em compostos fenólicos que possuem em sua estrutura uma fração catecol, principalmente os compostos 2, 9, 60 (ácidos cafeoilquínicos), 14 e 16 (flavonóides) (Figura 2.5) (Tabela S12) compostos também encontrado em folhas de cana-de-açúcar desta mesma variedade (COUTINHO et al., 2016). Esses compostos estão diretamente relacionados ao maior escurecimento do caldo obtido desta variedade quando comparado às demais, baseado na redução observada de suas proporções ao comparar as amostras obtidas do topo do caule adicionado de ácido ascórbico (579_TA) com as amostras sem adição (579_T) (Figura 2.5). Essa redução indica que esses compostos foram consumidos pelas enzimas PPO presentes no caldo de cana, uma vez que os compostos fenólicos são os substratos desse tipo de enzimas (MCLARIN et al., 2020; QUEIROZ et al., 2008) e, como esses compostos consumidos contêm uma fração de catecol em sua estrutura (*o*-difenois), os resultados experimentais também indicam que as PPO encontradas na variedade RB92579 catalisam predominantemente a oxidação de *o*-difenois a *o*-quinonas, o que caracteriza um atividade do tipo difenolase nesta variedade (QUEIROZ et al., 2008).

As outras três variedades de cana-de-açúcar analisadas, RB07818, RB951541 e SP791011, apresentaram uma proporção muito menor de compostos fenólicos nas amostras de caldo extraídas da parte superior do caule, principalmente aquelas que contêm a porção catecol na estrutura, de acordo com os dados do perfil metabólico do LC - HRMS. Esses resultados podem explicar por que o suco extraído dessas variedades é mais claro que o da variedade RB92579. A menor proporção de *o*-difenois como os ácidos cafeoilquínicos e flavonóides contendo a fração catecol, representa uma menor disponibilidade de substrato para PPO com menor formação de compostos contendo grupos *o*-quinona, que são responsáveis pelo escurecimento do caldo de cana.

Outro resultado relevante a ser destacado é o fato de que, com exceção da variedade RB92579, não houve diferença significativa entre os perfis metabólicos das amostras de caldo extraídas do topo, meio e base do caule da cana-de-açúcar das variedades analisadas, incluindo as amostras com ácido ascórbico comparadas com aquelas sem adição. Com base nesses resultados, pode-se propor que, para as variedades RB07818, RB951541 e SP791011, há uma diferença muito pequena no perfil fenólico entre a parte superior e as demais partes do caule e os principais compostos fenólicos produzidos e acumulados não atuam como bons substratos para as PPO presentes no caldo de cana.

Compreender os mecanismos que levam o caldo ao escurecimento é essencial para o desenvolvimento de tecnologias que possam contornar esse problema, seja por meio físico-químico industrial ou por meio da biotecnologia aplicada ao melhoramento vegetal, capaz de reduzir a ação enzimática no escurecimento.

7 CONCLUSÕES

O escurecimento enzimático varia em função da variedade, tecido analisado e da composição química, para todas as variedades, as amostras do topo apresentam maior atividade enzimática, assim como maior escurecimento. As amostras meio e base apresentam atividade enzimática semelhante.

A variedade RB92579 apresenta coloração mais escura entre as variedades para todas as amostras, destacando a amostra topo que corresponde ao terço superior do colmo, que apresenta a coloração mais escura. O perfil metabólico indicou que a RB92579, se diferencia das demais variedades apresentado diferenças qualitativas e quantitativas em sua composição fenólica, os compostos fenólicos encontrados são em sua maioria difenóis com grupo catecol, o que favorecem o escurecimento enzimático mediado pelas PPO.

A maior atividade enzimática, e coloração indica que a parte superior é a maior responsável pelo escurecimento enzimático do caldo de cana-de-açúcar. Para as variedades RB07818, RB951541 e SP791011 contribuição majoritária no escurecimento é da POD. Este fato é atribuído a menor disponibilidade de substratos, compostos fenólicos nessas variedades, conferem cor clara ao caldo.

Perante os dados apresentados podemos atribuir o escurecimento do caldo de cana-de-açúcar a disponibilidade de substratos e intensidade da atividade enzimática, bem como o tipo de enzima envolvido no processo de escurecimento.

REFERÊNCIAS

- ARMSTRONG, J.; LANE, W. D. **Genetically modified reduced-browning fruit-producing plant and produced fruit thereof, and method of obtaining such.** U.S. Patent n. 8,563,805, 22, 2013.
- BØJER, R. et al. Identification of polyphenol oxidases in potato tuber (*Solanum tuberosum*) and purification and characterization of the major polyphenol oxidases. **Food Chemistry** v. 365, 15, 2021.
- BUCHELI, C. S. et al. Isolation of a full-length cDNA encoding polyphenol oxidase from sugarcane, a C4 grass. **Plant Molecular Biology** v. 31, n. 6, p. 1233–1238, 1996.
- BUCHELI, C. S. et al. Contribution of Enzymic Browning to Color in Sugarcane Juice. **Journal of Agricultural and Food Chemistry** v. 42, n. 2, p. 257–261, 1994.
- CHEEMA, S.; SOMMERHALTER, M. Characterization of polyphenol oxidase activity in Ataulfo mango. **Food Chemistry** v. 171, p. 282–287, 15, 2015.
- COUTINHO, I. D. et al. Metabolite profiling of sugarcane genotypes and identification of flavonoid glycosides and phenolic acids. **Journal of Agricultural and Food Chemistry** v. 64, n. 21, p. 4198–4206, 2016.
- DAI, Y. et al. Quality Study of the Preparation of Virgin Brown Sugar Powder by Vacuum Drying. **Sugar Tech** v. 23, n. 5, p. 1171–1182, 1 out. 2021.
- DUNFORD, H. B.; STILLMAN, J. S. On the function and mechanism of action of peroxidases. **Coordination chemistry reviews**, v. 19, n. 3, p. 187–251, 1976.
- GERDEMANN, C. et al. The crystal structure of catechol oxidase: new insight into the function of type-3 copper proteins. **Accounts of chemical research** v. 35, n. 3, p. 183–191, 2002.
- HE, Q.; LUO, Y. **Enzymatic browning and its control in fresh-cut produce.** 2007.
- HITHAMANI, G. et al. Effect of adsorbent and acidulants on enzymatic browning of sugarcane juice. **Journal of food science and technology** v. 55, n. 10, p. 4356–4362, 2018.
- JIMENEZ, P. O. Enzymic browning in cane juice. **Crystallizer** v. 4, p. 10–11, 1981.
- JUKANTI, A. Distribution, localization, and structure of plant polyphenol oxidases (PPOs). **Polyphenol oxidases (PPOs) in plants**, p. 11–32, 2017.
- KAAVYA, R et al. Sugarcane juice preservation: A critical review of the state of the art and way forward. **Sugar Tech** v. 21, n. 1, p. 9–19, 2019.

- MAIOLI, A. et al. Simultaneous CRISPR/Cas9 Editing of Three PPO Genes Reduces Fruit Flesh Browning in *Solanum melongena* L. **Frontiers in Plant Science** v. 11, 3, 2020.
- MANOHAR, M. P. et al. Studies on Phenolic Content and Polyphenol Oxidase Activity of Sugarcane Varieties with Reference to Sugar Processing. **Sugar Tech** v. 16, n. 4, p. 385–391, 1, 2014.
- MARTINEZ, M. V.; WHITAKER, J. R. The biochemistry and control of enzymatic browning. **Trends in Food Science and Technology** v. 6, n. 6, p. 195–200, 1995.
- MAYER, A. M; HAREL, E. Polyphenol oxidases in plants. **Phytochemistry** v. 18, n. 2, p. 193–215, 1979.
- MCLARIN, M. A; LEUNG, I. K. H. Substrate specificity of polyphenol oxidase. **Critical Reviews in Biochemistry and Molecular Biology**, v. 55, n. 3, p. 274–308, 2020.
- MERSAD, A. et al. Colorants in the sugar industry. **Int. Sugar Jnl** v. 105, n. 1254, p. 269–281, 2003.
- MOON, K. M. et al. Recent trends in controlling the enzymatic browning of fruit and vegetable products. **Molecules**, v. 25, n. 12, p. 2754, 2020.
- MOORE, Paul H.; BOTHA, Frederik C. (Ed.). **Sugarcane: physiology, biochemistry and functional biology**. John Wiley & Sons, 2013.
- NI EIDHIN, D. M. et al. Polyphenol oxidase from apple (*Malus domestica* Borkh. cv Bramley's Seedling): purification strategies and characterization. **Journal of food science**, v. 71, n. 1, p. C51-C58, 2006.
- PASSARDI, F. et al. PeroxiBase: the peroxidase database. **Phytochemistry**, v. 68, n. 12, p. 1605-1611, 2007.
- QUEIROZ, C. et al. Polyphenol oxidase: Characteristics and mechanisms of browning control. **Food Reviews International** v. 24, n. 4, p. 361–375, 2008.
- RAPEANU, G. et al. Biochemical characterization and process stability of polyphenoloxidase extracted from Victoria grape (*Vitis vinifera* ssp. Sativa). **Food Chemistry** v. 94, n. 2, p. 253–261, 2006.
- RAYMOND, J et al. Purification and some properties of polyphenoloxidase from sunflower seeds. **Phytochemistry** v. 34, n. 4, p. 927–931, 1993.
- RIFFER, R. The nature of colorants in sugarcane and cane sugar manufacture. In: **Sugar Series**. Elsevier, 1988. p. 186-207.
- SINGH, B. et al. Enzymatic browning of fruit and vegetables: A review. **Enzymes in food technology: Improvements and innovations**, p. 63-78, 2018.

- SINGH, K. et al. Recent developments in white sugar solution colorimetry. **Sugar industry-zuckerindustrie** v. 138, n. 3, p. 159–163, 2013.
- SULLIVAN, M. L. Beyond brown: Polyphenol oxidases as enzymes of plant specialized metabolism. **Frontiers in Plant Science** v. 5, n. JAN, p. 1–7, 2015.
- TARANTO, F. et al. Polyphenol oxidases in crops: Biochemical, physiological and genetic aspects. **International Journal of Molecular Sciences** v. 18, n. 2, 2017.
- TOLBERT, N. E. Activation of Polyphenol Oxidase of Chloroplasts. **Plant Physiology** v. 51, n. 2, p. 234–244, 1973.
- VAMOS-VIGYÁZÓ, L. Polyphenol Oxidase and Peroxidase in Fruits and Vegetables. **C R C Critical Reviews in Food Science and Nutrition** v. 15, n. 1, p. 49–127, 1981.
- VELJOVIĆ JOVANOVIĆ, S. et al. Class III peroxidases: functions, localization and redox regulation of isoenzymes. **Antioxidants and antioxidant enzymes in higher plants**, p. 269-300, 2018.
- YORUK, R; MARSHALL, M. R. Physicochemical properties and function of plant polyphenol oxidase: a review 1. **Journal of food biochemistry**, v. 27, n. 5, p. 361-422, 2003.
- ZHOU, P. et al. Potential purification and some properties of Monroe apple peel polyphenol oxidase. **Journal of agricultural and food chemistry** v. 41, n. 4, p. 532–536, 1993.

CAPÍTULO 3: CONTROLE PÓS-TRANSCRICIONAL DA POLIFENOL OXIDASE POR RNAi VISANDO A REDUÇÃO DO ESCURECIMENTO ENZIMÁTICO PÓS-PROCESSAMENTO

Resumo

As polifenol oxidases são enzimas capazes de promover a oxidação de compostos fenólicos em *o*-quinonas, que são compostos altamente reativos e se polimerizam com aminoácidos formando as melaninas, responsáveis pelo escurecimento enzimático de vegetais. Seu papel fisiológico nas plantas ainda é estudado, sendo sugerido que ela participe de mecanismos de regulação e resistência aos estresses bióticos e abióticos. Entretanto, o seu impacto na qualidade de produtos de origem vegetal é bem conhecido por alterar a coloração promovendo o escurecimento. Em cana-de-açúcar, a qualidade da produção do açúcar branco é reduzida pelo escurecimento do caldo extraído dos colmos, sendo esse efeito indesejado para a indústria, considerando o incremento nos custos para clarificação. Apesar dos consideráveis avanços obtidos para a cultura da cana-de-açúcar utilizando melhoramento convencional, o melhoramento por meio de técnicas de biotecnologia vegetal pode contribuir para obtenção de genótipos elite de cana-de-açúcar. O escurecimento enzimático pode ser contornado por meio do melhoramento genético com a técnica de RNAi, realizando um controle pós-transcricional de genes da PPO. Entretanto, devido à complexidade no genoma da cana-de-açúcar, realizar a identificação de genes de interesse e modificações genéticas requerem grande acurácia. Foram encontrados 26 candidatos a genes PPO no genoma de cana-de-açúcar da variedade SP80-3280 e a partir da análise de dados de transcriptoma foi identificado qual gene era mais expresso, sendo esse dado utilizado como parâmetro para desenvolver uma estratégia de controle pós-transcricional por RNAi. Foram transformadas duas variedades de cana-de-açúcar: i) SP80-3280, por ter genoma sequenciado e protocolo de transformação bem definidos e ii) RB92579, devido ao seu uso comercial e por apresentar relevante impacto da PPO no escurecimento do seu caldo. Para a variedade SP80-3280 foram obtidos 29 eventos, enquanto para a variedade RB92579 foi necessário realizar adaptações no protocolo de regeneração devido genótipo-dependência das condições de regeneração *in vitro*, apesar dos controles da cultura de tecidos regenerarem completamente, não foram obtidos eventos de transformação. Para a variedade RB92579 o controle da transcrição da PPO aparenta interferir no desenvolvimento e regeneração das plantas transformadas, apresentam regeneração inicial e posterior estagnação no desenvolvimento. Para validar o efeito no fenótipo da cor do caldo para a variedade SP80-3280, e na transformação da variedade RB92579 mais estudos precisam ser desenvolvidos.

8 INTRODUÇÃO

A família gênica das Polifenol Oxidases (PPO) é estudada em diversas espécies vegetais em que sua ação é capaz de afetar a qualidade de seus produtos, assim como economicamente sua produção. Fisiologicamente, a PPO pode afetar alguns pontos importantes de produção, como a resistência às doenças e aos estresses abióticos e,

principalmente, o processamento pós-colheita, causando o escurecimento (Jukanti, 2017). Apesar da grande variabilidade em seu tamanho e estrutura, os genes de PPO em plantas possuem características conservadas, como centro catalítico com dois íons de cobre ligados a seis resíduos de histidina, um peptídeo de trânsito N-terminal e uma região C-terminal (GERDEMANN et al., 2002; TRAN et al., 2012; VAN GELDER et al., 1997). Em cana-de-açúcar, um gene de PPO foi descrito em trabalho pioneiro, e a proteína codificada atribuído o escurecimento enzimático do caldo pós-processamento (BUCHELI et al., 1996).

A família gênica das PPOs é altamente variável em número e estrutura gênica, algo observado em um levantamento com 18 genomas de plantas terrestres (briófitas, licófitas, antófitas monocotiledôneas (monocotiledôneas) e antófitas eudicotiledôneas (eudicotiledôneas). Foi possível identificar 107 genes com pelo menos 1200 pb, e uma grande variabilidade na quantidade de genes por espécie. Em soja (*Glycine max*) e álamo (*Populus trichocarpa*) foram encontrados 11 genes, em flor de macaco (*Mimulus guttatus*) 9 genes, em mandioca (*Manihot esculenta*) e mamona (*Ricinus communis*) foram encontrados apenas 1 gene, o sorgo (*Sorghum bicolor*) apresentou 8 genes, o maior número entre as monocotiledôneas estudadas, enquanto o milho apresentou (*Zea mays*) 6 genes (TRAN et al., 2012). No genoma de *A. thaliana* não foi encontrado nem um gene de PPO (TRAN et al., 2012; VAN DER HOEVEN et al., 2002). Em espécies como a batata (*Solanum tuberosum* L.), os genes identificados nesta espécie fazem parte de uma família multigênica altamente conservada (MAYER, 2006). Por este motivo, avaliar a contribuição de forma individual de cada gene de PPO no processo de escurecimento enzimático é uma tarefa complexa, exigindo métodos com grande acurácia para estudos que envolvem transformação genética como o uso de RNAi ou microRNAs artificiais (CHI et al., 2014).

As PPOs possuem três domínios conservados: uma região cTP N-terminal, um domínio CuA e CuB (tirosinase) e uma região C-terminal. Na região N-terminal há uma grande proporção de resíduos de serina, característica típica de peptídeo estromal do cTP, em seguida há um domínio de transferência para o tilacoide e um motivo de alanina. Estas características evidenciam que as proteínas PPO são transportadas para o lúmen dos tilácoides do cloroplasto (TRAN et al., 2012). O domínio tirosinase, que consiste no centro dicobre, o local de ligação com o Cu é caracterizado pela presença de vários resíduos de histidina conservados, o centro catalítico contém dois íons Cu, denominados CuA e CuB (KLABUNDE et al., 1998). A extremidade C-terminal da

PPO consiste por um domínio PPO-DWL com aproximadamente 50 aminoácidos (Pfam12142), e um domínio PPO-KFDV que possui entre 140-150 aminoácidos (Pfam12143), a importância funcional desses domínios é pouco conhecido (MARUSEK et al., 2006; QI et al., 2020; TRAN et al., 2012). As PPOs podem ser codificadas a partir de genes sem íntrons, como em maçã (*Malus domestica*), batata (*S. tuberosum*) e tomate (*Lycopersicon esculentum*) (NEWMAN et al., 1993; THYGESEN et al., 1995). Em monocotiledôneas foi observado que os genes de PPOs podem conter íntrons, como é relatado em trigo duro (*Triticum turgidum* ssp.) (MASSA et al., 2007) e abacaxi (*Ananas comosus* L.) (Y. ZHOU et al., 2003).

Em cana-de-açúcar, foi possível a identificação e caracterização de uma PPO em uma variedade, algo comum nas variedades modernas, devido as características intrínsecas e conservadas das PPOs. Também, foi demonstrado em cana-de-açúcar que a PPO tem seus níveis de expressão maior no meristema apical e em colmos imaturos subsequentes ao meristema e em tecidos em desenvolvimento, e nenhuma expressão foi identificada em tecidos maduros como folhas e colmos (BUCHELI et al., 1996).

Em eventos geneticamente modificados de cana-de-açúcar, para superexpressar a PPO, apresentavam caldo com coloração mais escura. Com esse resultado, pode-se comprovar o papel no escurecimento enzimático pós-processamento mediado por PPOs (VICKERS et al., 2005). A tentativa de nocautear ou reduzir a expressão da PPO por meio da tecnologia anti-sense, utilizando biobalística de para introdução do cassete, não apresentou efeito fisiológico esperado na coloração, além de um menor desempenho agrônomo dos eventos transformados (VICKERS et al., 2005), que também poder vir a ser efeito do silenciamento do gene, afetando alguma função fisiológica na planta.

Com o avanço tecnológico das plataformas de sequenciamento em larga escala, o estudo de PPOs em diferentes organismos pode evoluir consideravelmente (TRAN et al., 2012). Dois genomas de variedades de cana-de-açúcar foram lançados em 2018 e 2019 (GARSMEUR et al., 2018; SOUZA et al., 2019). Entretanto, seu genoma altamente poliploide, aneuploide, heterozigoto e interespecífico, faz da anotação de genes e montagem do genoma um trabalho complexo (GARSMEUR et al., 2018; THIRUGNANASAMBANDAM et al., 2018). Apesar da complexidade, os novos genomas abrem a porta para estudos genéticos mais aprofundados, o que poderá auxiliar programas de melhoramento genético. Com a maior disponibilidade dados públicos de sequenciamento de genoma e transcrito, é possível investigar com melhor acurácia a complexidade estrutural das PPOs em cana-de-açúcar e entender a sua dinâmica no

organismo. O maior acesso à informação gênica das PPOs em cana-de-açúcar permite a aplicação com maior precisão das técnicas de biotecnologia como o RNAi (MOHAN et al., 2021; MURUGAN et al., 2021), já utilizado para estudar outros genes em cana-de-açúcar como a síntese de lignina (JUNG et al., 2012) e controle de pragas (IQBAL et al., 2021). Esta técnica já é utilizada para o estudo de PPOs em outras espécies como a batata (*Solanum tuberosum* L.), para reduzir o escurecimento enzimático pós-processamento (CHI et al., 2014).

Além da complexidade do genoma da cana-de-açúcar, há um grande gargalo para transformação genética, já que a eficiência do processo de transformação é fortemente dependente da variedade (DONG et al., 2014). Embora seja amplamente descrito diversos métodos de entrega de genes para a transformação, em uma diversidade de variedades (LAKSHMANAN et al., 2005), não há um protocolo efetivo para todas as variedades. A transformação por *Agrobacterium* é mais vantajosa frente a outras tecnologias de entrega de genes, por promover a integração de alta qualidade dos cassetes gênicos com baixo número de cópias e expressão estável do transgene (DONG et al., 2014).

A variedade SP80-3280 apresenta vantagens para estudos que envolvem ferramentas avançadas de biotecnologia vegetal, pois possui genoma sequenciado, embora não completamente anotado (SOUZA et al., 2019), e protocolo bem estabelecido para transformação indireta via *Agrobacterium* (BASSO et al., 2017) o que a torna um excelente modelo para estudo funcional de genes. Para outras variedades de interesse econômico como a variedade RB92579, que é descrita como tolerante a estresses hídricos, com uso eficiente da água, tolerante à patógenos, com altos índice de Açúcares Totais Recuperáveis (ATR) (RIDESA, 2010), protocolos de transformação genética precisam ser desenvolvidos. Entretanto, esta variedade apresenta elevado escurecimento enzimático, condição que pode ser contornada pelo melhoramento usando ferramentas biotecnológicas. Para variedades comerciais, é possível desenvolver estratégias de melhoramento a partir de dados do genoma da variedade SP80-3280 como base, além de dados públicos de transcriptoma.

Com base no explanado sobre o tema, este trabalho teve como objetivo encontrar e anotar os candidatos a genes de PPO no genoma da variedade SP80-3280, analisar a sua expressão em colmo superior da PPO de cana-de-açúcar a partir de dados públicos de transcriptomas nas variedades SP80-3280 e RB92579. A partir dos dados obtidos, delinear estratégia para reduzir a expressão da PPO por meio de RNAi, e da

transformação mediada por *Agrobacterium tumefaciens* de duas variedades de cana-de-açúcar e avaliar os efeitos fenológicos dos eventos, com o objetivo de reduzir o escurecimento enzimático do caldo.

9 MATERIAL E MÉTODOS

9.1 Anotação da família gênica da Polifenol Oxidase (PPO) em cana-de-açúcar e expressão diferencial das PPOs

Foram feitas buscas por sequências aminoácidos, caracterizados e validados da família gênica das PPOs, em banco de dados: National Center for Biotechnology Information (NCBI, ncbi.nlm.nih.gov), Ensembl Plants (plants.ensembl.org) e Phytozome (phytozome-next.jgi.doe.gov/). As sequências estão disponíveis a seguir na Tabela 9.1.

Tabela 9.1 – Sequência de aminoácidos de genes PPO validados em diferentes espécies

| Organismo | Acesso | Referência/BioProjeto |
|---|----------------------|---|
| Batata (<i>Solanum tuberosum</i> L.) | PGSC0003DMG400018916 | (Vieira, 2020) (Chi et al., 2014) |
| | PGSC0003DMG400029575 | |
| | PGSC0003DMG400018914 | |
| | PGSC0003DMG400018917 | |
| | PGSC0003DMT400048692 | |
| | PGSC0003DMT400076055 | |
| | PGSC0003DMT400048703 | |
| | PGSC0003DMT400048679 | |
| PGSC0003DMT400057781 | | |
| Beringela (<i>Solanum melongena</i> L.) | ADY18410.1 | (Maioli et al., 2020) |
| | ADY18412.1 | |
| Dente-de-leão (<i>Taraxacum officinale</i>) | FM178478.1 | (Richter et al., 2012) |
| | EU154993.1 | (Wahler et al., 2009) |
| Nogueira (<i>Juglans regia</i>) | ACN86310.1 | (Araji, Grammer, Gertzen, Anderson, Mikulic-Petkovsek, Veberic, Phu, Solar, Leslie, Dandekar, et al., 2014) |
| | | |
| Maçã (<i>Malus domestica</i>) | AAK56323.1 | (John Armstrong, n.d.) |

| | | |
|--|------------------|------------------------|
| | AAA69902.1 | |
| | A27661.1 | |
| | | (Yu et al., 2008) |
| Arroz (<i>Oryza sativa</i>) | ABG23042.1 | |
| | BAJ10871.1 | (Taketa et al., 2010) |
| Cevada (<i>Hordeum vulgare</i>) | BAJ10872.1 | |
| | AAG21983.1 | (Wang et al., 2004) |
| Álamo híbrido (<i>Populus tremula</i> × <i>Populus alba</i>) | | |
| | AAO16863.1 | (Ko et al., 2013) |
| Abacaxi (<i>Ananas comosus</i>) | | |
| | Sobic.003G322100 | |
| | Sobic.006G007450 | |
| | Sobic.007G068300 | |
| Sorgo (<i>Sorghum bicolor</i>) | Sobic.003G310400 | PRJNA13876, |
| | Sobic.010G192700 | PRJNA38691 |
| | Sobic.006G181300 | |
| | Sobic.007G068700 | |
| | Sobic.007G068500 | |
| Cana-de-açúcar (<i>Saccharum</i> spp.) | AAB94293.1 | (Vickers et al., 2005) |

Estas sequências foram utilizadas como padrão para identificar genes similares em banco de dados de cana-de-açúcar, primeiramente nos genomas disponíveis de *Saccharum officinarum* (BioProjects: PRJNA744175; PRJEB28034) e, posteriormente, em *Saccharum hybrid* no genoma da variedade SP80-3280 (BioProject: PRJNA431722), efetuadas buscas a partir da ferramenta BLASTp (Basic local alignment search tool), utilizando como critérios, identidade maior que 50% e *e*-valor menor que $1e^{-5}$.

Para identificar a similaridade com a família gênica das PPOs encontradas em cana-de-açúcar com as demais espécies, foi realizada uma análise da presença de domínios conservados característicos da família, utilizando a ferramenta Conserved Domain Database – National Center for Biotechnology Information (CDD-NCBI) (www.ncbi.nlm.nih.gov/Structure/cdd/wrpsb.cgi) (LU et al., 2020). As anotações dos

candidatos a genes PPO foram feitas manualmente. A análise de expressão gênica foi realizada usando o Software Salmon (PATRO et al., 2017) a partir de dados públicos de RNA-Seq das variedades SP80-3280 (Illumina HiSeq 2500 paired) Bioproject: PRJEB44302 / Biosample: SAMEA8568862, e RB92579 (Illumina HiSeq 2000 paired) Bioproject: PRJEB44302 / Biosample: SAMEA8568856, de colmo (entrenós) imaturos +1, o gráfico foi gerado utilizando o software R.

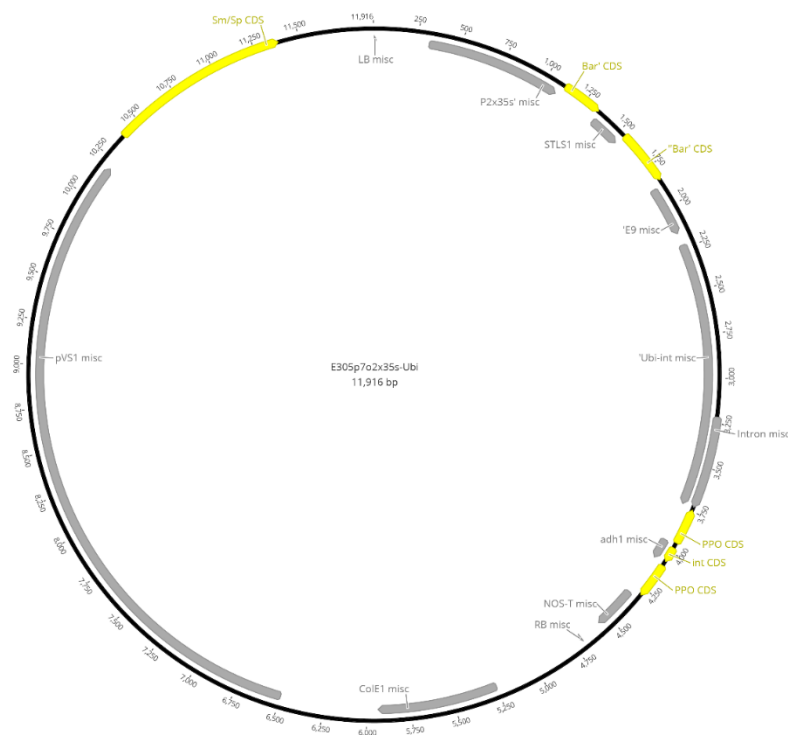
9.2 Análises filogenéticas da família PPO e *Gene Ontology*

A construção da árvore filogenética, a partir do alinhamento dos códons de referência e os novos identificados realizado com o ClustalW, foi realizada com o método Maximum-Likelihood (ML) com 1000 réplicas de bootstrap usando o software MEGA 11 (TAMURA et al., 2021). A análise de anotação funcional e clusterização de ortólogos (*Gene Ontology*) foi feita utilizando o software EggNogg Mapper (Cantalapiedra et al., 2021). As sequências utilizadas na montagem da árvore filogenética e na análise de *Gene Ontology* estão disponíveis no apêndice 02.

9.3 Construção do vetor para silenciamento da PPO por RNAi

O vetor binário para silenciamento da PPO por RNAi foi sintetizado pela empresa DNA Clone Service (<https://dna-cloning.com>), construído baseado no vetor p7o2x35s-Ubi da empresa, apresentando cassete para resistência em bactérias aos antibióticos estreptomicina e espectinomicina, outro cassete com promotor 2x35S para o gene *bar* para resistência em plantas ao herbicida glufosinato de amônio, outro cassete para expressão de dsRNA de PPO (RNAi) sob regulação do promotor Ubi de milho e terminador t-NOS. A sequência de *PPO* utilizada para o RNAi está disponível no apêndice 02, para a análises de *off-target* da sequência guia para RNAi no genoma de cana foi realizada por algoritmos desenvolvidos *in-house*. O vetor recebeu a nomenclatura de E305 (FIGURA 9.1).

Figura 9.1 – Mapa do vetor binário para silenciamento de PPO em cana-de-açúcar por RNAi



Fonte: Do Autor (2022)

9.4 Preparo dos explantes e indução dos calos

Foram coletados palmitos, denominados de ponteiros (topo), das variedades RB92579 e SP803280 com idade entre 6-8 meses. Após a coleta, as folhas mais externas foram retiradas e a partir da região meristemática os ponteiros foram cortados em tamanho de aproximadamente 25 centímetros e o restante do material foi descartado. Em seguida, o material passou por uma desinfestação em álcool 70% em frasco de vidro previamente autoclavado sob agitação vigorosa em agitador (shaker) orbital por 5 minutos. Após a desinfestação, o material foi cortado em discos de aproximadamente 2 mm e inoculados, 8 discos por placa de Petri, com meio de indução de calos (MIC) contendo 3 mg/litro de ácido 2,4-diclorofenoxiacético (2,4-D). Os explantes permaneceram neste meio por 15 dias a 27°C no escuro. Após esse período os explantes foram desanelados e subcultivados em meio MIC, e mantidos por 15 dia nas mesmas condições anteriores. Ao término dos 15 dias, os calos embriogênicos foram isolados

em meio MIC, quando os calos atingem o tamanho aproximado de 3 mm (10-15 dias), estando prontos para a etapa de transformação (BASSO et al., 2017).

9.5 Transformação da Agrobactéria

A inserção do vetor binário contendo as sequências palindrômicas para formação de dsRNA para o silenciamento de genes PPO foi realizado por meio de eletroporação de *Agrobacterium tumefaciens* cepa, AGL1, inserindo o vetor binário E305, seguindo protocolo descrito no Manual de Transformação Genética de Plantas (BRASILEIRO et al., 1998).

9.6 Transformação de cana-de-açúcar mediada por *A. tumefaciens*

A transformação e regeneração da variedade SP80-3280 foi realizada como descrito por Basso et al. (2017) sem alterações. Para a variedade RB92579, foi utilizado o mesmo protocolo modificando apenas os meios da etapa de regeneração, os dividindo em duas fases, Meio Pós-Transformação (MPT) e Meio de Regeneração de Calos (MRC), sendo descritos nas Tabelas 9.2 e 9.3:

Tabela 9.2 - Composição do meio pós transformação para a variedade RB92579

| Meio Pós-Transformação (MPT) | |
|-------------------------------------|-------------|
| Reagente | g/l ou ml/l |
| Sais MS (Sigma) | 4,34 g |
| Vitaminas 1000X* | 1 ml (1x) |
| Ácido Cítrico | 300 mg |
| Sacarose | 20 g (2%) |
| Phytigel | 3,5 g |
| Timentin | 300 mg/l |
| Ajustar o pH para 5,8 | |

Legenda: *Solução de vitaminas B5 1000X: tiamina (10 mg/l), pirodoxina (1,0 mg/l), ácido nicotínico (1,0 mg/l), homogeneizar bem a solução e alíquotar 10 ml em tubos de 15 ml e estocar a -4°C (freezer).

Tabela 9.3 - Composição do meio de regeneração de cana para a variedade RB92579

| Meio de Regeneração de Cana (MRC) | |
|--|-------------|
| Reagente | g/l ou ml/l |
| Sais MS (Sigma) | 4,34 g |
| Vitaminas 1000X* | 1 ml (1X) |
| Ácido Cítrico | 150 mg |
| Sacarose | 20 g (2%) |
| Phytigel | 3,5 g |
| Timentin | 200 mg/ml |
| Glufosinato de amônia** | 3mg/l |
| Ajustar o pH para 5,8 | |

Legenda: *Solução de vitaminas B5 1000X: tiamina (10 mg/l), pirodoxina (1,0 mg/l), ácido nicotínico (1,0 mg/l), homogeneizar bem a solução e alíquotar 10 ml em tubos de 15 ml e estocar a -4°C (freezer). ** Diluir 375 µl de Liberty (Herbicida comercial com 200 g/l de princípio ativo) em 25 ml de água Milli-Q. O agente seletor deve ser filtroesterelizado.

Após o co-cultivo, os calos foram transferidos para o meio MPT e permaneceram no escuro por 10 dias a temperatura de 25°C ± 1. Em seguida foram transferidos para o meio MRC, e incubados por 10 dias a 27°C±1°C em fotoperíodo de 16 horas de luz e 8 horas de escuro, intensidade inicial luminosa de 1,0 µmol m⁻² s⁻¹, a intensidade luminosa deve ser ajustada semanalmente incrementando 5,0 µmol m⁻² s⁻¹ até 30,0 µmol m⁻² s⁻¹. Os calos permanecem no meio MRC, com trocas a cada 10-15 dias até a completa regeneração da parte aérea e enraizamento. O controle negativo da transformação permanece no meio MPT até completa regeneração. Para o teste da efetividade no BAP na regeneração dos calos da variedade RB92579, foi utilizada a concentração 1 mg/l de meio, MPT ou MRC.

As condições experimentais foram: Controle de Regeneração da Cultura de Tecidos (CR) (calos regenerados que não passaram pelo processo de transformação), Controle Negativo da Transformação (CN) (calos regenerados que passaram pelo processo de transformação sem a presença da agrobactéria com vetor binário), Calos Transformados (CT) (calos que passaram pelo processo de transformação com o vetor E305), cada condição foi testada, quanto a sua capacidade de regeneração, na presença ou ausência de BAP. As condições CR e CN foram regeneradas em o meio MPT (sem

agente seletor de transformação). A aclimação das plantas obtidas, para ambas das variedades, foi realizada como descrito por Basso et al., (2017).

9.7 Seleção dos eventos de cana-de-açúcar transformados

Os eventos de cana-de-açúcar foram selecionados quanto a sua resistência gerada pelo gene *bar* ao glufosinato de amônio, adicionado a 3 mg/litro de meio de regeneração após a transformação (BASSO et al., 2017).

Posteriormente, a detecção da transformação se deu por meio ensaios sorológicos para detectar a enzima fosfinotricina acetiltransferase em plantas, usando o kit de tiras de teste TraltChek® (RomerLabs®), seguindo as instruções do fabricante.

Após aclimação em casa de vegetação, as plantas selecionadas foram submetidas a uma nova etapa de seleção por meio do bioensaio de pintura foliar, realizado pincelando uma solução do herbicida comercial Liberty® (200 g/l de princípio ativo) 1% (v/v) em água, em uma área da superfície adaxial de uma folha de cana-de-açúcar e, em seguida, avaliando a resistência gerada pela expressão do gene *bar* aproximadamente cinco dias após o pincelamento.

10 RESULTADOS

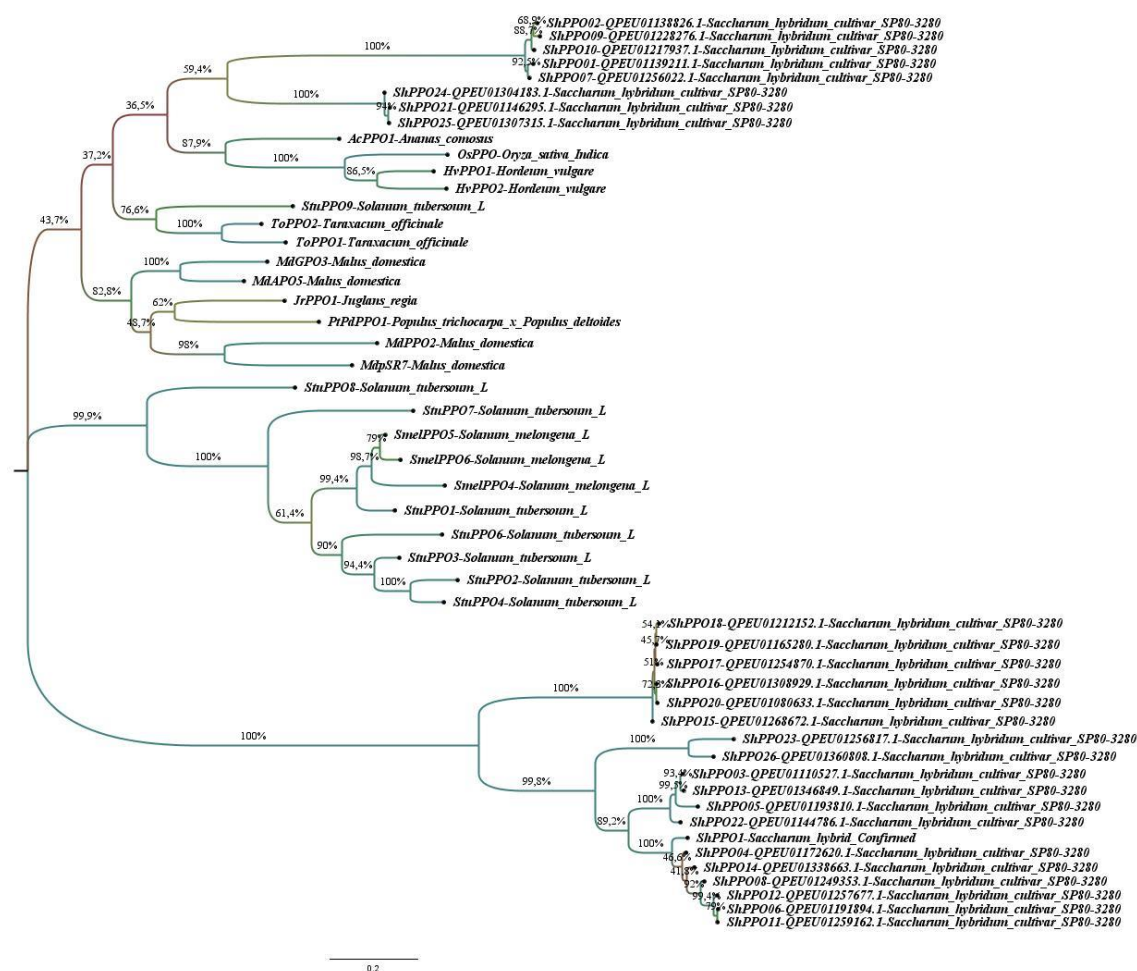
10.1 Genes candidatos PPOs encontrados no genoma da variedade SP80-3280

Ao buscar por genes PPO no genoma de cana-de-açúcar, variedade SP80-3280, foram encontrados 26 genes candidatos identificados por sua similaridade a genes PPO validados em outras espécies, e que possuíam todos os domínios conservados característicos da família gênica PPO1-DWL (pfam12142), PPO1-KFDV (pfam12143) e Tyrosinase (pfam00264). Todas as sequências estão disponíveis no apêndice 02.

As sequências PPOs de cana-de-açúcar encontradas nesse trabalho se separaram em dois clados, mas ambos agrupando-se apenas entre monocotiledôneas. Os nós de clados maiores apresentam valores mais baixos na análise de *bootstrap* (valor menor que <50%) e os nós de clados menores apresentam valores maiores e bem suportados (valores de *bootstrap* >70%) valores de referência semelhantes aos encontrados em análises filogenéticas de PPO (TRAN et al., 2012). Dezenove sequências de PPOs de cana-de-açúcar ficaram alocadas em um clado único e separado das demais espécies, agrupadas com a sequência de PPO encontrada e em cana-de-açúcar *ShPPO01-Saccharum_hybridum-confirmed* validada para o escurecimento enzimático pós-

processamento (BUCHELI et al., 1996; VICKERS et al., 2005). As demais ficaram próximas de plantas com metabolismo C4 como abacaxi (*Ananas comosus*), arroz (*Oryza sativa*) e cevada (*Hordeum vulgare*). Nessas variedades também são relatadas o escurecimento enzimático atribuído a PPO e o escurecimento oriundo do ataque de patógenos (FIGURA 10.1).

Figura 10.1 - Árvore filogenética construída a partir de cinquenta sequências de aminoácidos de polifenol oxidase (PPO).



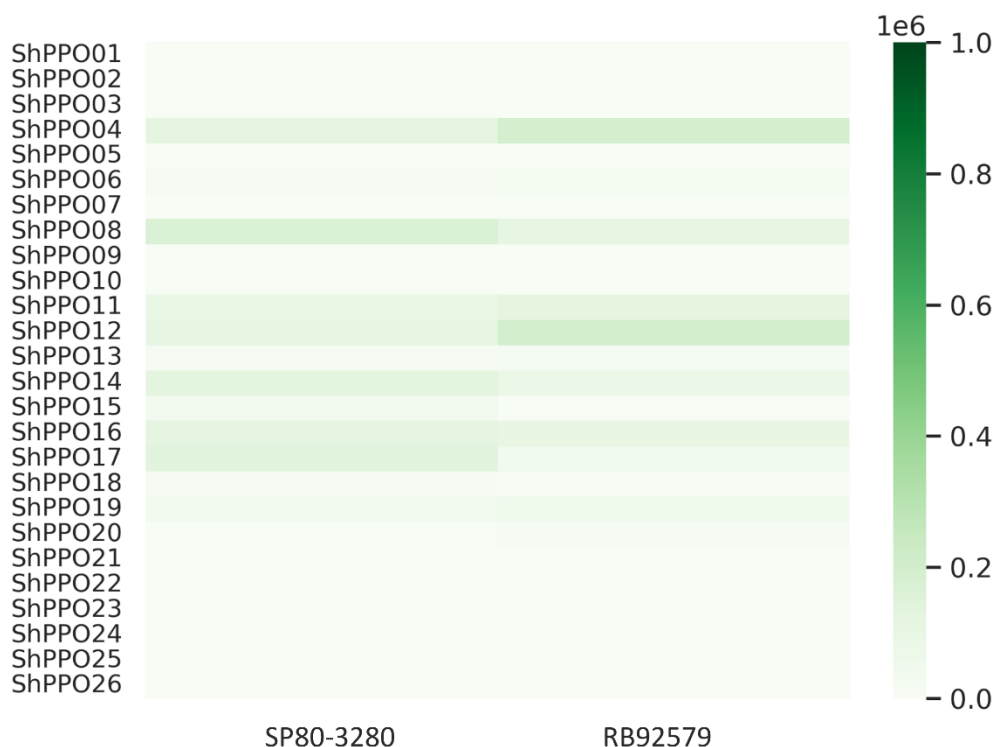
Legenda: Alinhamento de aminoácidos realizado com ClustalW, árvore filogenética construída com o método Maximum-Likelihood (ML) com 1000 réplicas de bootstrap no software MEGA 11.

Fonte: Do Autor (2022)

Ao analisar os dados de expressão dos genes candidatos a PPO, foi possível avaliar a diferença de expressão entre as variedades SP80-3280 e RB92579, sendo os genes ShPPO04, ShPPO08, ShPPO11, ShPPO12, ShPPO14, ShPPO16 e ShPPO17 os mais expressos em ambas variedades. Dentre essas sequências, é possível notar maior

expressão para ShPPO04 e ShPPO12 na variedade RB92579, mas para a variedade SP80-3280 a ShPPO08 que apresentou maior expressão.

Figura 10.2 - *Heatmap* da expressão de PPOs.



Legenda: Comparação entre dados de RNA-Seq das variedades SP803280 e RB92579. A escala mostra o nível de expressão com base em TPM (Transcrição por milhão).

Fonte: Do autor (2022)

Os principais genes alvos para controle da expressão via RNAi foram os candidatos ShPPO04 e ShPPO14, cujas sequências que estão mais próximas a de PPO já validada de cana-de-açúcar, que apresenta maior expressão (FIGURA 3.2; FIGURA 3.3). A sequência escolhida para a construção RNAi tem homologia para também poder silenciar outros genes PPO, como a ShPPO08, ShPPO11 e ShPPO12, que apresentaram expressão total relevante quando comparados as demais sequências. O dsRNA desenhado para PPO também pode fazer o controle pós-transcricional de outros genes com menor expressão, e com menor intensidade uma vez que o dsRNA se liga por complementaridade em uma sequências de 21 nucleotídeos, entretanto essas sequências possivelmente alvos possuem a expressão muito baixa ou desprezível quando comparados aos alvos principais (FIGURA 10.2; TABELA 10.1).

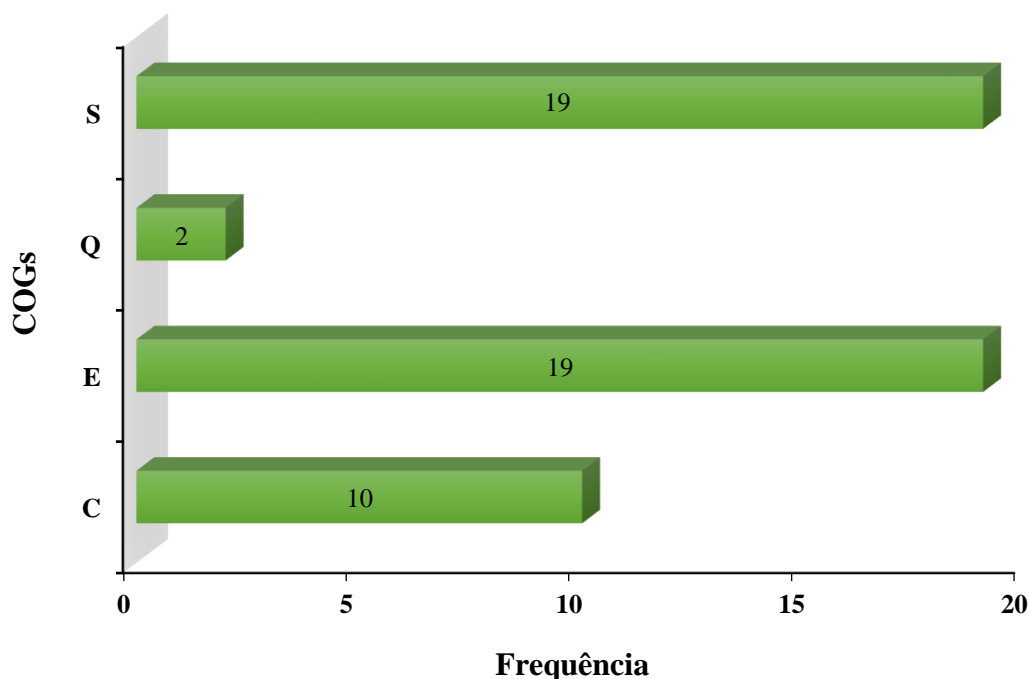
Tabela 10.1 – Número de nucleotídeos que pareiam com dsRNA por gene e podem causar RNAi

| Sequência PPO | Pareamento com dsRNA (nt) |
|---------------|---------------------------|
| ShPPO04 | 209* |
| ShPPO14 | 209* |
| ShPPO10 | >160 |
| ShPPO11 | >160 |
| ShPPO12 | >160 |
| ShPPO13 | >160 |
| ShPPO08 | >160 |
| ShPPO06 | >160 |
| ShPPO03 | 22 |
| ShPPO05 | 22 |
| ShPPO22 | 22 |
| ShPPO01 | 21 |
| ShPPO02 | 21 |
| ShPPO07 | 21 |
| ShPPO09 | 21 |

*pareamento total com o dsRNA

A fim de atribuir função as PPOs encontradas, as sequências foram submetidas a duas análises, a de *Gene Ontology* (GO) e proximidade evolutiva de genes de PPOs já caracterizadas, por meio da construção de uma árvore filogenética. Ao submeter todas as sequências (encontradas em cana-de-açúcar e sequências já caracterizadas de outras espécies) a análise de ontologia, quase todas as PPOs apresentaram-se ligadas a três funções, produção e conversão de energia, transporte e metabolismo e catabolismo de metabólitos secundários. Entretanto, algumas sequências não puderam ter função atribuída pela análise de GO (FIGURA 10.4). As sequências de cana-de-açúcar foram atribuídas em funções de transporte e metabolismo de aminoácidos (E) e em funções não identificadas (S).

Figura 10.4 – Clusters de Grupos Ortólogos de proteínas (em inglês - COGs) de cinquenta Polifenol oxidase (PPO)



Legenda: C - Produção e conversão de energia, E - Transporte e metabolismo de aminoácidos, Q - Biossíntese, transporte e catabolismo de metabólitos secundários e S = Função desconhecida.

Fonte: Do autor (2022)

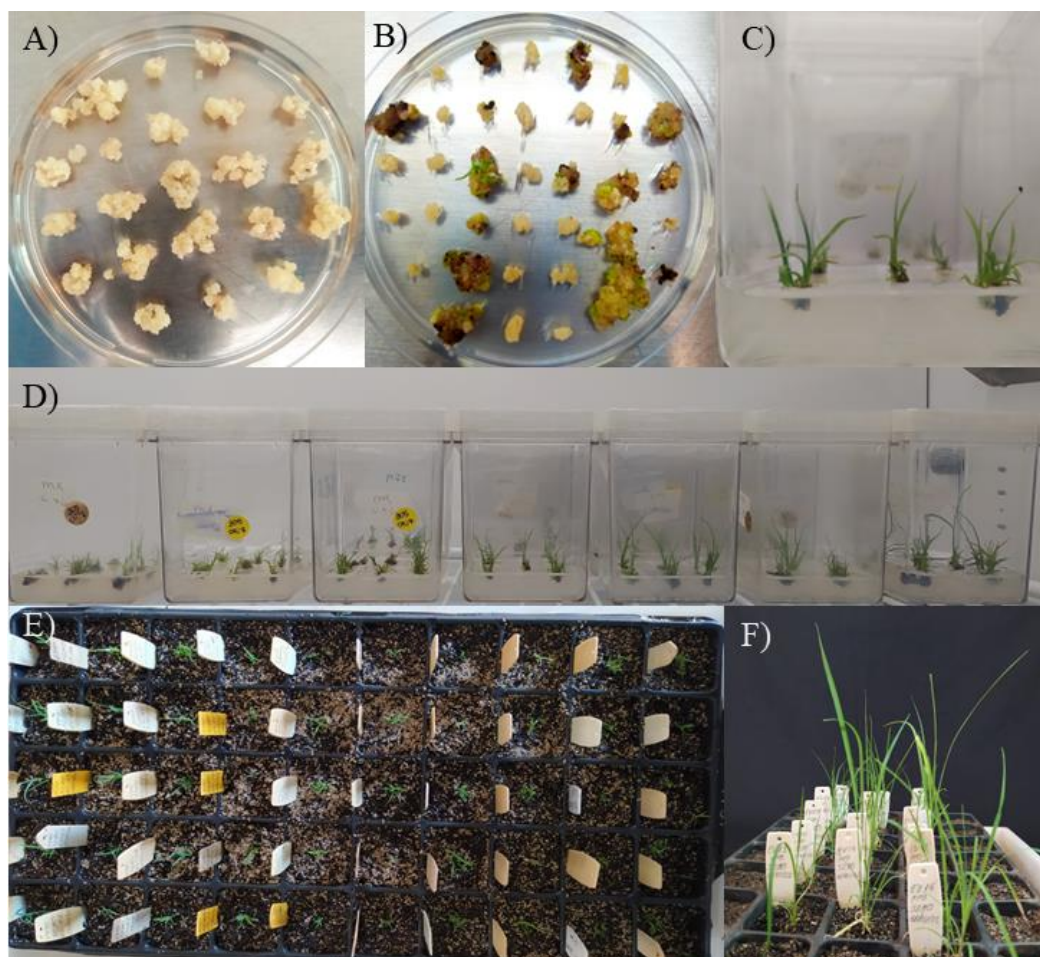
10.2 Transformação da variedade SP80-3280

Foi transformada uma massa de 6,5 g de calos embriogênicos, e após 120 dias da transformação foram obtidas 10 plantas controle negativo (CN), e 66 eventos de plantas que passaram pelo processo de transformação com o vetor E305 para controle da expressão da PPO por RNAi (FIGURA 10.5).

Com as plantas aclimatadas em casa de vegetação, após 180 dias do início da transformação, foram realizados testes sorológicos para a detecção da enzima fosfinotricina acetiltransferase, enzima que confere a planta resistência ao agente seletor glufosinato de amônia. Dos 66 eventos obtidos, apenas 56 foram aclimatados em casa de vegetação com sucesso, e entre esses eventos 32 foram positivos, ou seja, apresentaram a expressão da enzima fosfinotricina acetiltransferase, detectável no teste sorológico (FIGURA 10.6).

O bioensaio de resistência ao herbicida Liberty® (1% V/V), foi a seleção final dos eventos transformados, onde é nítida a suscetibilidade das plantas não transformadas e da resistência dos eventos que expressão o vetor de forma satisfatória, atribuindo resistência ao agente seletivo. Os eventos 09, 23 e 37, que em testes anteriores eram indicados como transformados, podem ser plantas quiméricas (FIGURA 10.7).

Figura 10.5 – Etapas da transformação da variedade SP80-3280.



Legenda: A - Calos após transformação/ início do processo de regeneração; B - Calos com início da regeneração em meio de seleção; C - Plântulas com parte aérea já regenerada; D - Plântulas em processo de enraizamento (meio de regeneração sem BAP); E - Plântulas completamente regeneradas após 120 de transformação, em processo de aclimatação; F - Plântulas aclimatadas após 150 dias após a transformação.

Fonte: Do autor (2022)

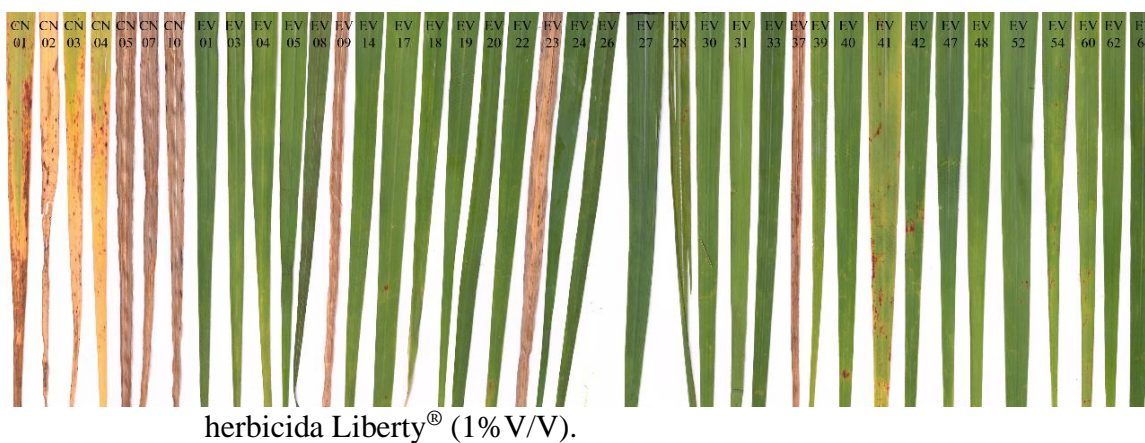
Figura 10.6 – Eventos de transformação da variedade SP80-3280 aclimatadas em casa de vegetação



Legenda: A) Plantas aclimatadas com 180 dias após a transformação; B) Ensaio sorológicos para detectar a enzima fosfinotricina acetiltransferase em plantas transformadas com o vetor E305.

Fonte: Do autor (2022)

Figura 10.7- Eventos após cinco dias da realização do bioensaio de pintura foliar com



herbicida Liberty® (1% V/V).

Legenda: CN – controle negativo de transformação; EV – Evento de Transformação

Fonte: Do autor (2022)

10.3 Transformação da variedade RB92579

O processo de obtenção e transformação dos calos da variedade RB92579 foi executado segundo descrito Basso et al. (2017). Entretanto, para o processo de

regeneração dos calos foi necessário fazer adaptações do protocolo, como a redução da quantidade de sacarose, utilizando uma concentração final de 2% M/V, a intensidade luminosa também influenciou a regeneração dos calos. Também foi avaliado o efeito de 6-benzilaminopurina (BAP) na regeneração desta variedade.

A intensidade luminosa para regeneração precisou ser ajustada em relação ao protocolo descrito para a variedade SP80-3280 (BASSO et al., 2017), para este protocolo os calos saem do escuro e passam para iluminação de $50 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$, com fotoperíodo de 16/8 horas Luz/escuro, e em três dias passa para a intensidade $100 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ e após três dias novamente a intensidade é aumentada para $150 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ até a regeneração completa da parte aérea e enraizamento. Para a variedade RB92579 a intensidade luminosa inicial começa em $1 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ (penumbra), e passa por um incremento de $5 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ a cada 7 dias até atingir $30 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$, caso contrário os calos embriogênicos oxidam rapidamente impedindo a regeneração.

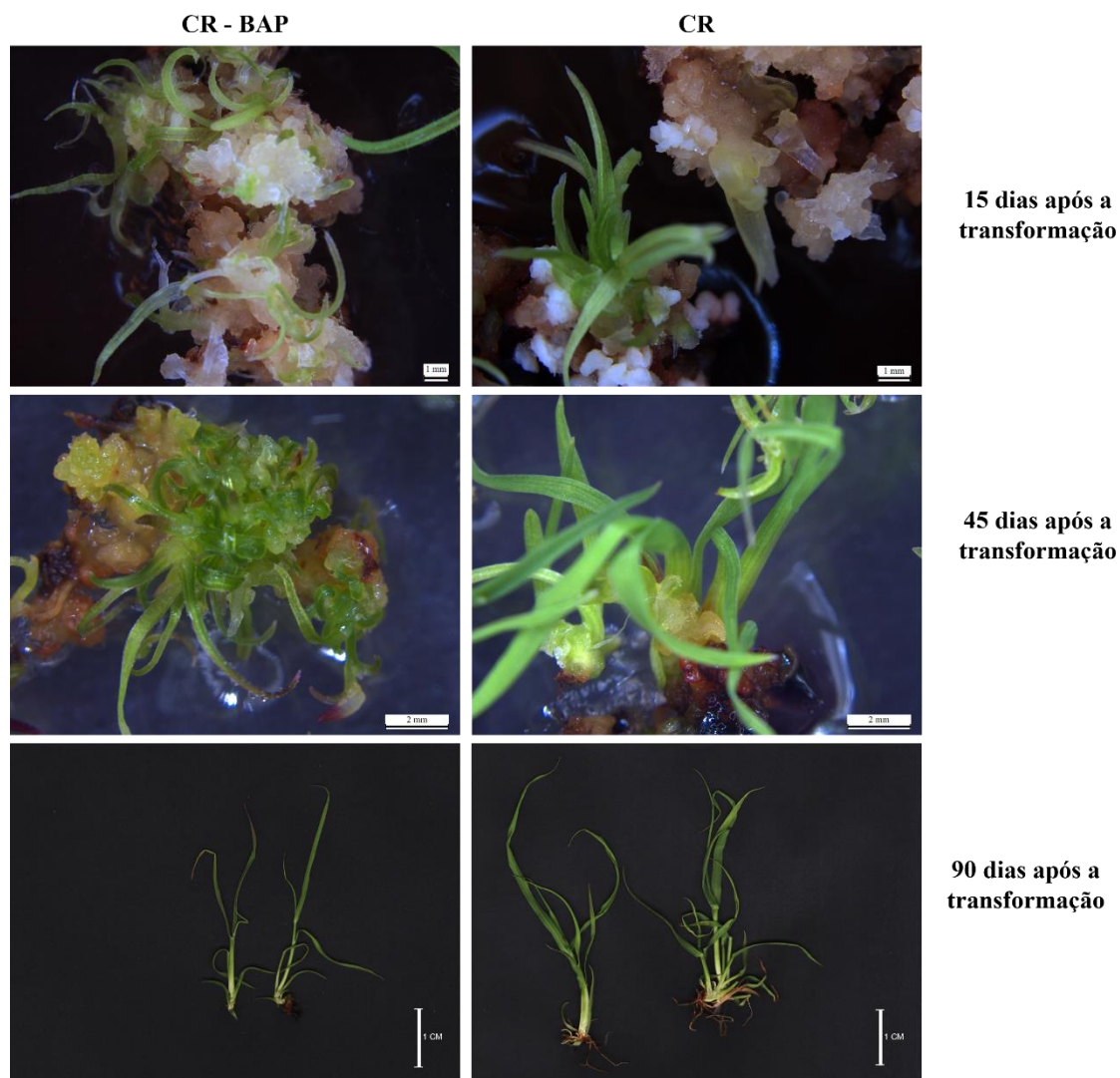
O BAP influenciou morfológicamente a regeneração nas três condições experimentais da cultura de tecidos. Para a condição CR, BAP induziu um maior número de regeneração de área foliar, entretanto a parte aérea apresentou dismorfia nos tecidos regenerados, quando comparados aos tecidos na ausência de BAP. Os calos CR-BAP permaneceram em meio com BAP por 60 dias após o início da regeneração, apresentaram menor enraizamento ausente. Os calos na condição CR apresentaram e regeneração completa da parte aérea e enraizamento satisfatório (FIGURA 10.8).

A regeneração dos calos na condição experimental CN-BAP, teve resultado semelhante a condição CR, maior indução de regeneração de parte aérea nos 15 primeiros dias na presença de BAP, com desenvolvimento dimórfico e após 45 dias estagnação do desenvolvimento seguido de necrose dos calos. Para a condição CN os calos regeneraram completamente, parte aérea e raiz ao final de 90 dias (FIGURA 10.9).

Para a condição CT, o BAP induziu o maior aparecimento e pontos de regeneração que não prosperaram devido a presença do agente seletor para o gene BAR. As regiões que regeneraram na presença do agente seletor, não apresentaram diferença morfológica influenciada pelo BAP, como para as condições experimentais CR-BAP e CN-BAP uma vez que para ambas das condições (presença/ausência do BAP) os tecidos regenerantes não se desenvolveram como para as demais condições experimentais. Ao final de 90 dias, os calos que regeneraram na presença do BAP necrosaram como para a o experimento CN-BAP. Mesmo as plantas sem adição de BAP no meio não regeneraram

suficiente para dar origem a uma planta morfológicamente capaz de se desenvolver fora das condições de cultura de tecidos (FIGURA 10.10).

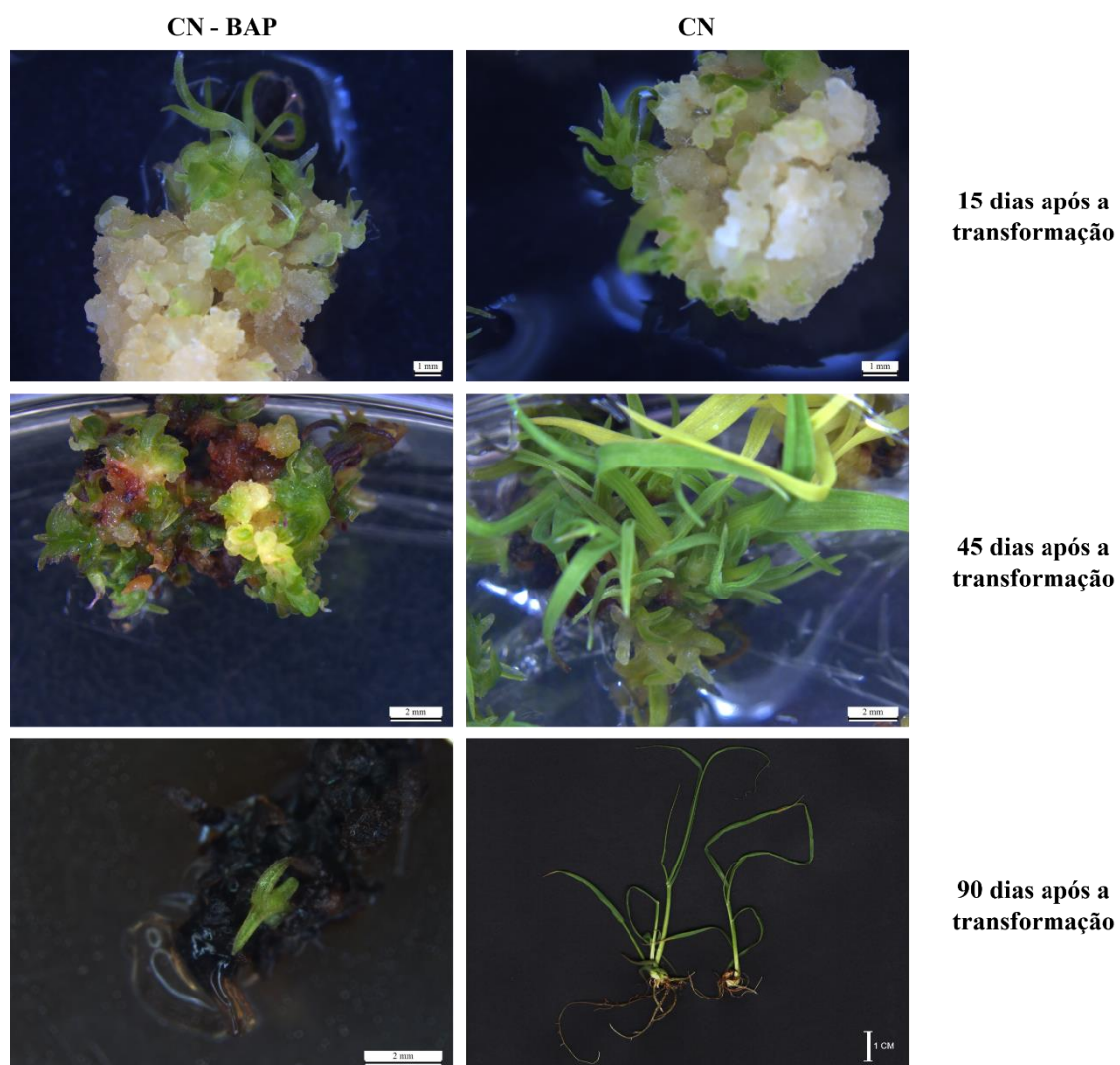
Figura 10.8- Regeneração dos calos da variedade RB92579 na condição experimental CR-BAP e CR, com 15, 45 e 90 dias após a transformação.



Legenda: CR - Controle de regeneração meio sem adição de BAP; CR-BAP – controle de regeneração meio com adição de BAP.

Fonte: Do autor (2022)

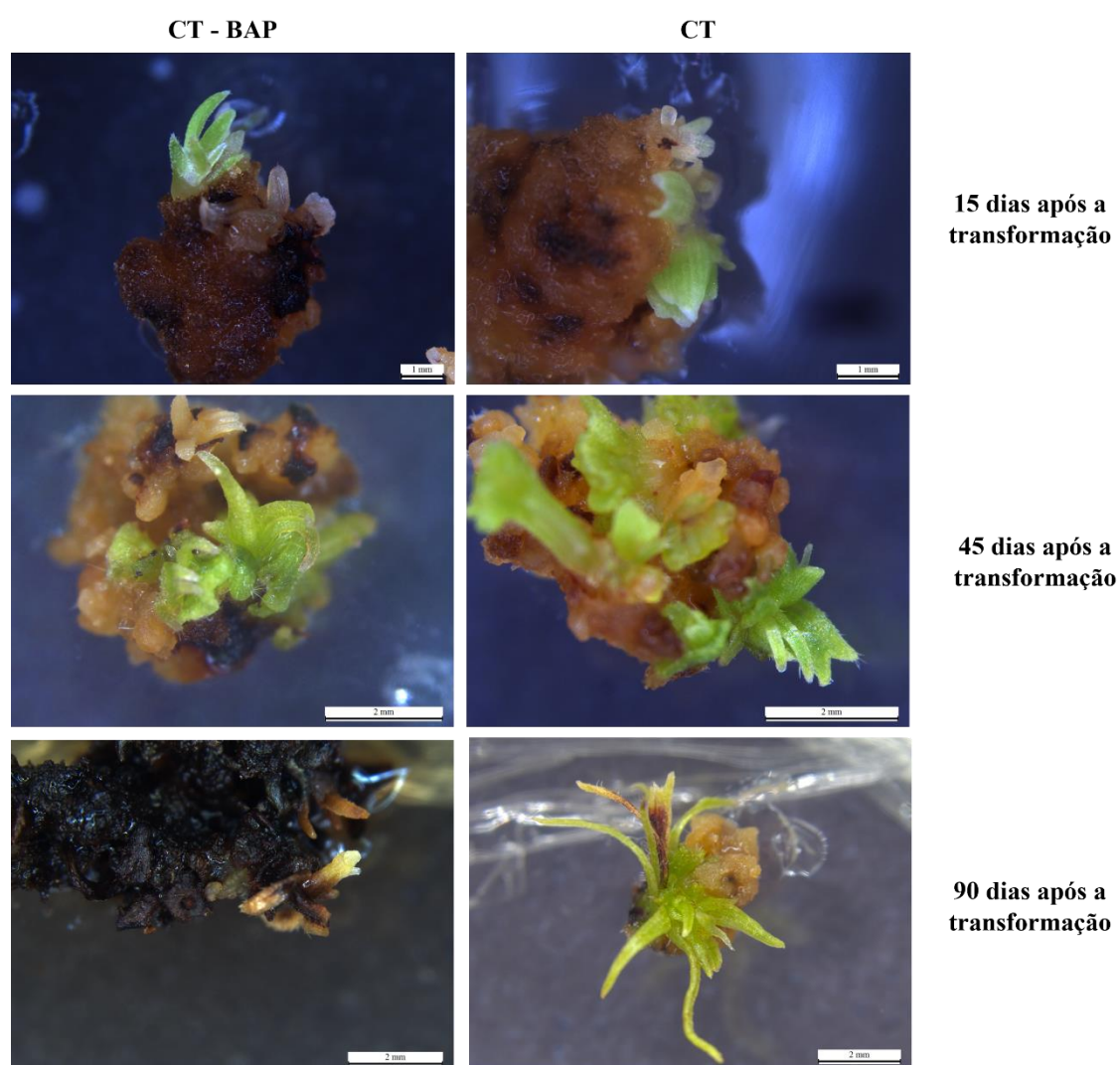
Figura 10.9- Regeneração dos calos da variedade RB92579 na condição experimental CN, com 15, 45 e 90 dias.



Legenda: CN - Controle de regeneração meio sem adição de BAP; CN-BAP – controle de regeneração meio com adição de BAP.

Fonte: Do autor (2022)

Figura 10.10 - Regeneração dos calos da variedade RB92579 na condição experimental CT, com 15, 45 e 90 dias

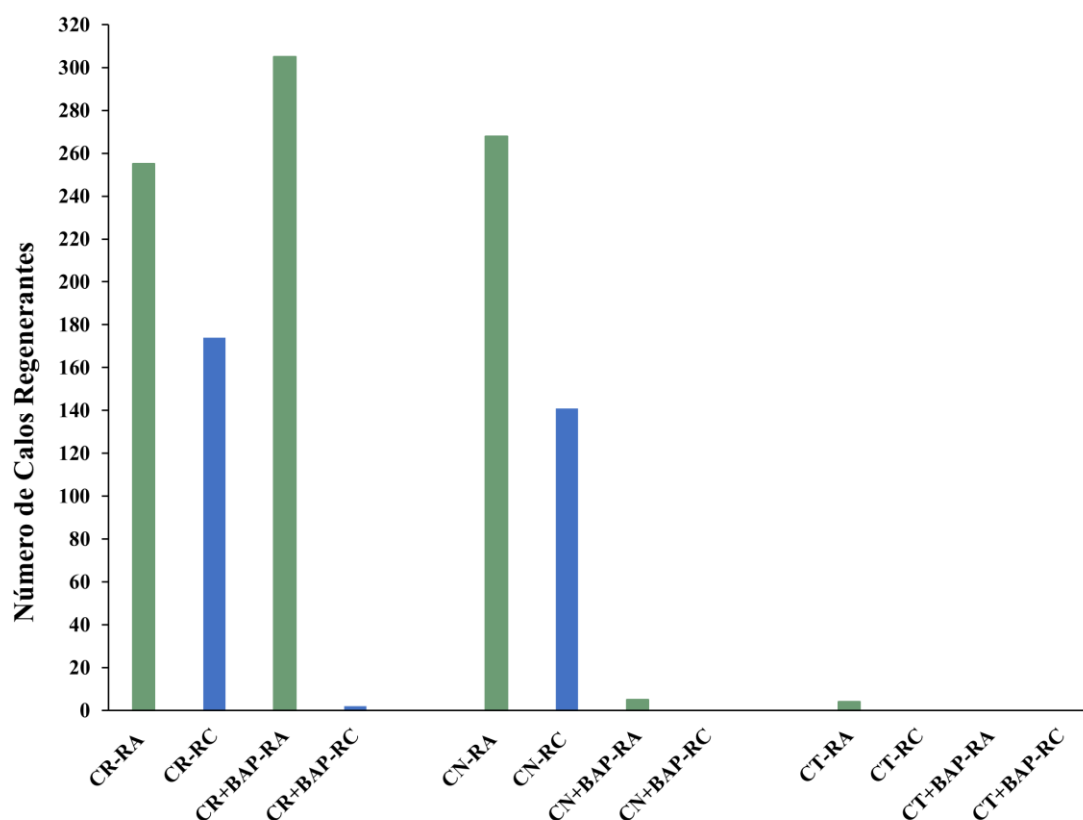


Legenda: CR - Controle de regeneração meio sem adição de BAP; CR-BAP – controle de regeneração meio com adição de BAP.

Fonte: Do autor (2022)

De modo geral, os tratamentos CR-BAP e CN-BAP apresentaram maior indução de regeneração de parte aérea, entretanto mesmo quando retirados do meio com BAP (após 60 dias do início da regeneração), seu enraizamento foi muito baixo ou nulo. Os calos CR e CN que regeneram sem a presença de BAP, apresentam parte aérea e enraizamento morfológicamente bem estruturadas, sendo aptos a passar pelo processo de aclimação. Os calos que passaram pelo processo de transformação (CT), apresentaram regeneração muito baixa independente da presença do BAP, regenerando apenas parte aérea, possivelmente devido ao efeito no gene de *PPO* (FIGURA 10.11).

Figura 10.11 - Gráfico de regeneração de calos embriogênicos obtidos a partir da variedade RB92579.



Legenda: CR – controle de regeneração; CN – controle negativo de transformação; CT – calos transformados; RA – Regeneração somente da parte aérea; RC – regeneração completa (parte aérea e raiz); BAP – presença de 6-benzylaminopurine no meio de regeneração.

Fonte: Do Autor (2022)

11. DISCUSSÃO

Família gênica das PPOs apresentam grande variabilidade em seu tamanho, estrutura e número de genes em função da espécie analisada, um exemplo desta variabilidade é a presença de íntrons nas sequências de PPOs dependente, da espécie (Tran et al., 2012). Acreditava-se que originalmente os genes de *PPO* não possuíam íntrons, por serem identificadas primeiramente em eudicotiledôneas que apresentarem genes com éxon únicos (NEWMAN et al., 1993). Posteriormente, foram identificados íntrons em cherimoya (*Annona cherimola*) e populus (*Populus trichocarpa*), demonstrando a variabilidade estrutural do gene da *PPO* (PRIETO et al., 2007; TRAN et al., 2011). Em cana-de-açúcar, foram identificados genes de éxon únicos e com apenas um íntron, o número de membros da família pode variar em função da variedade. No genoma da variedade SP80-3280 foram encontrados 26 candidatos (SOUZA et al., 2019), enquanto na variedade R570 são descritos apenas 9 (GARSMEUR et al., 2018) candidatos a gene *PPO*. Para os candidatos encontrados na variedade SP80-3280, é possível observar a variação estrutural, encontrando genes com éxon únicos e genes com a presença de íntron único (APÊNDICE 02). Devido à complexidade do genoma da cana-de-açúcar é difícil descrever em quais cromossomos cada candidato a gene *PPO* está localizado, ou ainda verificar quais genes são duplicados dentro do genoma.

As sequências de *PPO* de diferentes espécies de plantas separam-se entre monocotiledôneas e dicotiledôneas, quando analisadas por filogenia, além de poder haver separação em diferentes clados da mesma espécie, essa diversificação é em parte uma consequência da duplicação e divergência de genes específicos da mesma espécie (Tran et al., 2012). Em cana-de-açúcar, esta separação em clados diferentes pode ser proveniente das características genéticas das variedades híbridas, oriundas do cruzamento interespecífico entre as espécies *S. officinarum* e *S. spontaneum* (JANNOO et al., 1999). As variedades modernas são altamente heterozigotas, aneuplóides e contém cerca 100-130 cromossomos, cerca de 70-80% derivadas de *S. officinarum* e 10-20% de *S. spontaneum* e ~10% são derivadas de recombinação interespecífica (JANNOO et al., 1999; PIPERIDIS et al., 2010).

A caracterização gênica das PPOs em famílias vegetais como Solanaceae e Poaceae aponta para a função de resistência a doenças (NGADZE et al., 2012; THIPYAPONG et al., 2004), mas também direciona para outras participações no

metabolismo como a síntese de betalaína (NAKATSUKA et al., 2013), metabolismo da tirosina em L-DOPA, precursor de alcaloides (ARAJI et al., 2014) e biossíntese de lignina (CHO et al., 2003). A PPO pode ainda estar relacionada a reação de Mehler, que atua como um sumidouro para a energia luminosa não utilizada em condições de estresse hídrico onde os estômatos encontram-se fechados, processo essencial para evitar a formação de espécies reativas de oxigênio (BIEHLER et al., 1996). Logo, plantas com elevados níveis de PPO seriam tolerantes ao estresse hídrico, duas características atribuídas a variedade RB92579, elevada atividade da PPO (capítulo 1 deste estudo) e tolerância a estresse hídrico (RIDESA, 2010), entretanto esse mecanismo é incerto e depende de mais estudos (JUKANTI, 2017).

Análises de *Gene Ontology* apontou a participação da PPO em cana-de-açúcar principalmente no metabolismo de aminoácidos, e a funções desconhecidas. Considerando a influência no metabolismo de aminoácidos, o controle negativo de expressão da PPO em cana-de-açúcar poderia causar falha no desenvolvimento das plantas transformadas. O efeito da regulação negativa de uma PPO com função tirosinase/catecase foi observado em linhagens transformadas de noz (*Juglans regia*). As plantas transgênicas apresentaram lesões necróticas nas folhas sem que houvesse ação de qualquer tipo de patógeno, indicando um papel fundamental da PPO no metabolismo secundário das plantas e no controle da morte celular nesta espécie (ARAJI et al., 2014). Resultado semelhante foi encontrado na variedade RB92579, nos calos que passaram pelo processo de transformação com o vetor E305, não se desenvolveram como os controles (CR e CN), o desenvolvimento anormal e manchas necróticas nas regenerações podem ser uma indicação da ação do silenciamento do gene *PPO* para esta variedade.

Outro ponto relevante deve ser considerado, que independente da função fisiológica que PPO exerça na cana-de-açúcar, seu principal impacto a nível industrial está na sua atividade pós-processamento que gera escurecimento do caldo após sua extração. Todas as PPOs com atividade catecase levaram a produção de *o*-quinonas e na consequente geração das melaninas que escurecem o caldo. A maioria dos esforços de pesquisa estão concentrados em meios de contornar esse problema gerado no pós-processamento pela PPO, desenvolvendo estudos de caracterização e métodos de controle físico-químicos (PATTON et al., 1992; QUDSIEH et al., 2002; SINGH et al., 2018) e por métodos biotecnológicos de melhoramento vegetal (VICKERS et al., 2005).

A intensidade luminosa é um fator determinante para o desenvolvimento e regeneração de plantas em cultura de tecidos, cada variedade tem uma exigência de intensidade luminosa para sua regeneração, a maioria dos estudos em cana-de-açúcar sugere que a luz deve ser incrementada progressivamente, e cada variedade tem um limite ótimo para não causar danos aos tecidos (BASSO et al., 2017; DONG et al., 2014; LARKIN, 1981). A variedade SP80-3280 o incremento luminoso é feito em curtos intervalos chegando à quantidade máxima de $150 \text{ m}^{-2} \text{ s}^{-1}$ (BASSO et al., 2017), enquanto outros protocolos sugerem que a intensidade final não deve ser superior a $50 \text{ m}^{-2} \text{ s}^{-1}$ (DONG et al., 2014). A variedade RB92579 teve seu limite ótimo de luminosidade em $30 \text{ m}^{-2} \text{ s}^{-1}$ com incremento progressivo de $5 \text{ m}^{-2} \text{ s}^{-1}$ a cada 7 dias.

Embora a variedade SP80-3280 não exerça um grande protagonismo em termos de produção industrial (IAC, 2021), é de grande importância para estudos e desenvolvimento tecnológico por meio de ferramentas biotecnológicas, pois possui genoma sequenciado, embora não totalmente anotado (SOUZA et al., 2019), e protocolo de cultura de tecidos e transformação bem estabelecidos (BASSO et al., 2017). O protocolo utilizado permitiu a obtenção de vários eventos da variedade SP80-3280, resistentes ao agente seletivo, glufosinato de amônio (FIGURA Figura 3.7). Para a avaliação do efeito do controle da expressão de genes *PPO* por RNAi é necessário o desenvolvimento e propagação dos eventos obtidos em volume e maturação necessários para extração do caldo e avaliação fenológica, a redução do escurecimento do caldo de cana-de-açúcar. Analisar o nível de expressão das PPOs também exige a propagação dos eventos, pois a expressão da PPOs é identificada em tecidos jovens como, meristemas e colmos imaturos (BUCHELI et al., 1996), o que necessariamente faz com que a coleta e avaliação das amostras o torne um experimento destrutivo.

Diferentes protocolos são encontrados para o desenvolvimento em cultura de tecidos e transformação de cana-de-açúcar (ARENCEBIA et al., 1998; BASSO et al., 2017; DONG et al., 2014; MANICKAVASAGAM et al., 2004), o que deixa claro que a resposta morfogênica é genótipo-dependente, e para a obtenção de calos, transformação e regeneração de cada variedade de cana-de-açúcar é necessária a adaptação de protocolo (CIDADE et al., 2006). A regeneração de calos em plantas pode ocorrer em meio desprovido de reguladores na presença de luz, dependendo da variedade utilizada (LAKSHMANAN et al., 2006; TAYLOR et al., 1992).

Neste trabalho foi possível observar que as condições de regeneração dos calos embriogênicos da cana-de-açúcar, são diferentes, principalmente no que se diz respeito

ao uso de reguladores e intensidade luminosa para a regeneração. Para a variedade SP80-3280, o BAP na concentração de 1 mg/l de meio, estimula o desenvolvimento da parte aérea das plantas, o que resulta em uma maior obtenção de plantas regeneradas. Entretanto, para a variedade RB92579 o uso da mesma concentração de BAP no meio prejudicou o desenvolvimento morfológico dos calos que passaram pelo processo de regeneração, inibindo o crescimento de raízes ou até mesmo levando a morte dos calos.

A exposição prolongada ou excesso de BAP pode acarretar alterações genéticas e anomalias morfofisiológicas como a fasciação e hiperidricidade (Bairu et al., 2007), e efeitos deletérios no enraizamento (VALERO et al., 2010). Além dos efeitos morfológicos causados pelo BAP, o acúmulo de citocininas e sua conversão em metabólitos tóxicos causam a necrose de tecidos (BAIRU et al., 2011; SURAKSHITHA et al., 2019), observado nos calos da variedade RB92579, que estavam em meio com adição de BAP.

O número de regeneração completa (parte aérea e raiz) para a variedade RB92579 foi melhor nas condições em que não havia BAP, embora o BAP tenha gerado um elevado número de regenerantes a partir de área foliar, mas com alterações morfológicas, e com ausência de enraizamento, mesmo quando retiradas do meio com BAP a fim de se induzir o enraizamento. Logo o uso do BAP retarda o processo de regeneração das plantas da variedade RB92579, além de causar alterações morfológicas em seu desenvolvimento.

12. CONSIDERAÇÕES FINAIS

No genoma de cana-de-açúcar variedade SP803280 foi possível identificar 26 candidatos a genes da família PPO, destes apenas 17 apresentaram expressão no tecido analisado. Os genes possuem estrutura variável podendo conter íntrons ou não. Além disso, os genes se distribuem de forma distinta em dois clados, possivelmente devido à variedade ser híbrida.

A atribuição de função aos genes de PPO encontrados em cana-de-açúcar por meio de estudos filogenéticos e análises de bioinformática são determinantes para entender sua função fisiológica, bem como desenvolver estratégias eficazes baseadas em biotecnologia a fim de controlar sua expressão, e por consequência reduzir o seu escurecimento enzimático pós-processamento atribuído a PPO, sem que isso interfira no desenvolvimento fisiológico da planta.

A adaptação de protocolos eficientes para cultura de tecidos e transformação de cana-de-açúcar para cada variedade é um passo determinante para o melhoramento de variedades disponíveis no mercado, por meio de ferramentas biotecnológicas.

A dificuldade na regeneração da variedade RB92579 após a transformação pode estar atribuída à função fisiológica da PPO nesta variedade.

13. PERSPECTIVAS FUTURAS

Os eventos de transformação por RNAi serão propagados para verificar o efeito do silenciamento da PPO no escurecimento enzimático da cana-de-açúcar.

A influência da PPO no desenvolvimento morfológico da variedade RB92579 precisa ser melhor investigado.

REFERÊNCIAS

- ARAJI, S. et al. Novel roles for the polyphenol oxidase enzyme in secondary metabolism and the regulation of cell death in walnut. **Plant Physiology** v. 164, n. 3, p. 1191–1203, 2014.
- ARMSTRONG, J.; LANE, W. D. **Genetically modified reduced-browning fruit-producing plant and produced fruit thereof, and method of obtaining such**. U.S. Patent n. 8,563,805, 22 out. 2013.
- ARENCIBIA, A. D. et al. An efficient protocol for sugarcane (*Saccharum spp.* L.) transformation mediated by *Agrobacterium tumefaciens*. **Transgenic Research** v. 7, n. 3, p. 213–222, 1998.
- BAIRU, M. W et al. Changes in endogenous cytokinin profiles in micropropagated *Harpagophytum procumbens* in relation to shoot-tip necrosis and cytokinin treatments. **Plant Growth Regulation** v. 63, n. 2, p. 105–114, 2011.
- BAIRU, M. W et al. Optimizing the micropropagation protocol for the endangered *Aloe polyphylla*: can meta-topolin and its derivatives serve as replacement for benzyladenine and zeatin? **Plant Cell, Tissue and Organ Culture** v. 90, n. 1, p. 15–23, 2007.
- BASSO, M. F. et al. Improved genetic transformation of sugarcane (*Saccharum spp.*) embryogenic callus mediated by *Agrobacterium tumefaciens*. **Current Protocols in Plant Biology** v. 2, n. 3, p. 221–239, 2017.
- BIEHLER, Klaus; FOCK, Heinrich. Evidence for the contribution of the Mehler-peroxidase reaction in dissipating excess electrons in drought-stressed wheat. **Plant physiology** v. 112, n. 1, p. 265–272, 1996.
- BOLETIM TÉCNICO IAC. **CENSO VARIETAL IAC DE CANA-DE-AÇÚCAR NO BRASIL - SAFRA 2019/20 E NA REGIÃO CENTRO-SUL - SAFRA 2020/21**. Campinas-SP, 2021.
- BRASILEIRO, A. C. M; CARNEIRO, V. T. C. Manual de transformação genética de plantas. **Brasília: Embrapa-SPI/Embrapa-Cenargen**, 1998.
- BUCHELI, C. S. et al. Isolation of a full-length cDNA encoding polyphenol oxidase from sugarcane, a C4 grass. **Plant Molecular Biology** v. 31, n. 6, p. 1233–1238, 1996.
- CANTALAPIEDRA, C. P et al. eggNOG-mapper v2: functional annotation, orthology assignments, and domain prediction at the metagenomic scale. **Molecular biology and evolution** v. 38, n. 12, p. 5825–5829, 2021.
- CHI, M. et al. Reduced polyphenol oxidase gene expression and enzymatic browning in potato (*Solanum tuberosum* L.) with artificial microRNAs. **BMC plant biology**, v. 14, n. 1, p. 1-18, 2014.

CHO, M. H. et al. (+)-Larreatricin hydroxylase, an enantio-specific polyphenol oxidase from the creosote bush (*Larrea tridentata*). **Proceedings of the National Academy of Sciences** v. 100, n. 19, p. 10641–10646, 2003.

CIDADE, D. A. de P. et al. Morfogênese in vitro de variedades brasileiras de cana-de-açúcar. **Pesquisa Agropecuária Brasileira** v. 41, p. 385–391, 2006.

DONG, S. et al. Advances in Agrobacterium-mediated sugarcane transformation and stable transgene expression. **Sugar Tech** v. 16, n. 4, p. 366–371, 2014.

GARSMEUR, O. et al. A mosaic monoploid reference sequence for the highly complex genome of sugarcane. **Nature communications** v. 9, n. 1, p. 1–10, 2018.

IQBAL, A. et al. Genetic engineering approaches for enhanced insect pest resistance in sugarcane. **Molecular Biotechnology** v. 63, n. 7, p. 557–568, 2021.

JANNOO, Nazeema et al. Molecular investigation of the genetic base of sugarcane cultivars. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 99, p. 171-184, 1999.

JUKANTI, Aravind. **Polyphenol oxidases (PPOs) in plants**. Springer Singapore:, 2017.

JUNG, J. H. et al. RNAi suppression of lignin biosynthesis in sugarcane reduces recalcitrance for biofuel production from lignocellulosic biomass. **Plant biotechnology journal** v. 10, n. 9, p. 1067–1076, 2012.

KHODADADI, F. et al. Functional analysis of walnut polyphenol oxidase gene (JrPPO1) in transgenic tobacco plants and PPO induction in response to walnut bacterial blight. **Plant pathology** v. 69, n. 4, p. 756–764, 2020.

KLABUNDE, T. et al. Crystal structure of a plant catechol oxidase containing a dicopper center. **Nature structural biology** v. 5, n. 12, p. 1084–1090, 1998.

KO, L. et al. Field evaluation of transgenic pineapple (*Ananas comosus* L.) cv. “Smooth Cayenne” for resistance to blackheart under subtropical conditions. **Scientia Horticulturae** v. 159, p. 103–108, 2013.

LAKSHMANAN, P. et al. Developmental and hormonal regulation of direct shoot organogenesis and somatic embryogenesis in sugarcane (*Saccharum* spp. interspecific hybrids) leaf culture. **Plant cell reports** v. 25, n. 10, p. 1007–1015, 2006.

LAKSHMANAN, Prakash et al. Sugarcane biotechnology: the challenges and opportunities. **In Vitro Cellular & Developmental Biology-Plant** v. 41, n. 4, p. 345–363, 2005.

LARKIN, P J. Sugarcane tissue and protoplast culture. **Plant Cell, Tissue and Organ Culture** v. 1, n. 1, p. 149–164, 1981.

LU, S. et al. CDD/SPARCLE: the conserved domain database in 2020. **Nucleic acids research** v. 48, n. D1, p. 265–268, 2020.

MAIOLI, Alex et al. Simultaneous CRISPR/Cas9 editing of three ppo genes reduces fruit flesh browning in *Solanum melongena* L. **Frontiers in plant science**, v. 11, p. 607161, 2020.

MANICKAVASAGAM, M et al. Agrobacterium-mediated genetic transformation and development of herbicide-resistant sugarcane (*Saccharum* species hybrids) using axillary buds. **Plant cell reports** v. 23, n. 3, p. 134–143, 2004.

MARUSEK, C. M. et al. Comparative analysis of polyphenol oxidase from plant and fungal species. **Journal of inorganic biochemistry** v. 100, n. 1, p. 108–123, 2006.

MASSA, A. N. et al. Polyphenol oxidase (PPO) in wheat and wild relatives: molecular evidence for a multigene family. **Theoretical and Applied Genetics** v. 114, n. 7, p. 1239–1247, 2007.

MAYER, Alfred M. Polyphenol oxidases in plants and fungi: going places? A review. **Phytochemistry** v. 67, n. 21, p. 2318–2331, 2006.

MOHAN, C. Gene Editing Technologies for Sugarcane Improvement: Opportunities and Limitations. **Sugar Tech** p. 1–17, 2021.

MURUGAN, N. et al. RNAi-Based Gene Silencing Gene silencing in Sugarcane Sugarcane for Production of Biofuel Biofuels. In: **Biofuels and Biodiesel**. New York, NY: Springer US, 2021. p. 141-155.

NAKATSUKA, T. et al. Genetic engineering of yellow betalain pigments beyond the species barrier. **Scientific reports** v. 3, n. 1, p. 1–7, 2013.

NEWMAN, S. M. et al. Organisation of the tomato polyphenol oxidase gene family. **Plant molecular biology** v. 21, n. 6, p. 1035–1051, 1993.

NGADZE, E. et al. Role of polyphenol oxidase, peroxidase, phenylalanine ammonia lyase, chlorogenic acid, and total soluble phenols in resistance of potatoes to soft rot. **Plant disease** v. 96, n. 2, p. 186–192, 2012.

PATRO, R. et al. Salmon provides fast and bias-aware quantification of transcript expression. **Nature methods** v. 14, n. 4, p. 417–419, 2017.

PATTON, N; DUONG, M. Sugar cane phenolics and first expressed juice colour. Part III. Role of chlorogenic acid and flavonoids in enzymic browning of sugar cane juice. **Int. Sugar J** v. 94, p. 170, 1992.

PIPERIDIS, G. et al. Molecular cytogenetic investigation of chromosome composition and transmission in sugarcane. **Molecular Genetics and Genomics** v. 284, n. 1, p. 65–73, 2010.

PRIETO, H. et al. Browning in *Annona cherimola* fruit: role of polyphenol oxidase and characterization of a coding sequence of the enzyme. **Journal of Agricultural and Food Chemistry** v. 55, n. 22, p. 9208–9218, 2007.

- QI, Y. et al. Polyphenol oxidase plays a critical role in melanin formation in the fruit skin of persimmon (*Diospyros kaki* cv. 'Heishi'). **Food chemistry** v. 330, p. 127-253, 2020.
- QUDESIEH, H. Y. M. et al. Effect of maturity on chlorophyll, tannin, color, and polyphenol oxidase (PPO) activity of sugarcane juice (*Saccharum officinarum* var. yellow cane). **Journal of Agricultural and Food Chemistry** v. 50, n. 6, p. 1615–1618, 2002.
- RICHTER, C. et al. Silencing and heterologous expression of ppo-2 indicate a specific function of a single polyphenol oxidase isoform in resistance of dandelion (*Taraxacum officinale*) against *Pseudomonas syringae* pv. tomato. **Molecular plant-microbe interactions** v. 25, n. 2, p. 200–210, 2012.
- RIDESA, Brasil. Catálogo nacional de variedades “RB” de cana-de-açúcar. **Curitiba: Rede Interuniversitária para o Desenvolvimento do Setor Sucroalcooleiro**, p. 136, 2010.
- SINGH, B. et al. Enzymatic browning of fruit and vegetables: A review. **Enzymes in food technology: Improvements and innovations**, p. 63-78, 2018.
- SOUZA, G. M. et al. Assembly of the 373k gene space of the polyploid sugarcane genome reveals reservoirs of functional diversity in the world’s leading biomass crop. **Giga Science** v. 8, n. 12, p. 129, 2019.
- SURAKSHITHA, N C et al. Alleviating shoot tip necrosis during in vitro propagation of grape cv. Red Globe. **Scientia Horticulturae** v. 248, p. 118–125, 2019.
- TAKETA, S. et al. Duplicate polyphenol oxidase genes on barley chromosome 2H and their functional differentiation in the phenol reaction of spikes and grains. **Journal of Experimental Botany** v. 61, n. 14, p. 3983–3993, 2010.
- TAMURA, K. et al. MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. **Molecular Biology and Evolution** v. 38, n. 7, p. 3022–3027, 1 jul. 2021.
- TAYLOR, P. W. J. et al. Establishment of embryogenic callus and high protoplast yielding suspension cultures of sugarcane (*Saccharum* spp. hybrids). **Plant Cell, Tissue and Organ Culture** v. 28, n. 1, p. 69–78, 1992.
- THIPYAPONG, P. et al. Antisense downregulation of polyphenol oxidase results in enhanced disease susceptibility. **Planta** v. 220, n. 1, p. 105–117, 2004.
- THIRUGNANASAMBANDAM, Prathima P.; HOANG, Nam V.; HENRY, Robert J. The challenge of analyzing the sugarcane genome. **Frontiers in plant science**, v. 9, p. 616, 2018.
- THYGESEN, P. W. et al. Polyphenol oxidase in potato (a multigene family that exhibits differential expression patterns). **Plant physiology** v. 109, n. 2, p. 525–531, 1995.
- TRAN, L. T. et al. The polyphenol oxidase gene family in poplar: phylogeny, differential expression and identification of a novel, vacuolar isoform. **Planta** v. 234, n. 4, p. 799–813, 2011.

TRAN, L. T. et al. The polyphenol oxidase gene family in land plants: Lineage-specific duplication and expansion. **BMC genomics** v. 13, n. 1, p. 1–12, 2012.

VALERO-ARACAMA, C. et al. Substitution of benzyladenine with meta-topolin during shoot multiplication increases acclimatization of difficult-and easy-to-acclimatize sea oats (*Uniola paniculata* L.) genotypes. **Plant Growth Regulation** v. 60, n. 1, p. 43–49, 2010.

VAN DER HOEVEN, R. et al. Deductions about the number, organization, and evolution of genes in the tomato genome based on analysis of a large expressed sequence tag collection and selective genomic sequencing. **The Plant Cell** v. 14, n. 7, p. 1441–1456, 2002.

VAN GELDER, C. W. G. et al. Sequence and structural features of plant and fungal tyrosinases. **Phytochemistry** v. 45, n. 7, p. 1309–1323, 1997.

VICKERS, J. E. et al. Effects of tissue culture, biolistic transformation, and introduction of PPO and SPS gene constructs on performance of sugarcane clones in the field. **Australian Journal of Agricultural Research** v. 56, n. 1, p. 57, 2005.

VICKERS, J. E. et al. Overexpression of polyphenol oxidase in transgenic sugarcane results in darker juice and raw sugar. **Crop Science** v. 45, n. 1, p. 354–362, 2005.

VIEIRA, Annelise et al. Understanding the Browning Reactions in Sweet Basil: Gene Cloning and RNAi Construct Development for Polyphenol Oxidase. **UF Journal of Undergraduate Research**, v. 22, 2020.

WAHLER, Daniela *et al.* Polyphenoloxidase silencing affects latex coagulation in *Taraxacum* Species. **Plant Physiology** v. 151, n. 1, p. 334–346, 2009.

YU, Y. et al. Independent Losses of Function in a Polyphenol Oxidase in Rice: Differentiation in Grain Discoloration between Subspecies and the Role of Positive Selection under Domestication. **Plant Cell** v. 20, n. 11, p. 2946–2959, 2008.

ZHOU, Y. et al. Transcriptional regulation of a pineapple polyphenol oxidase gene and its relationship to blackheart. **Plant Biotechnology Journal** v. 1, n. 6, p. 463–478, 2003.

Apêndice 01

Informações complementares referentes ao Capítulo 02

Resultados

Efeito do pH

Tabelas A1-A4 - Comportamento da atividade relativa da polifenol oxidase (PPO) nas diferentes partes do colmo de cana-de-açúcar em função da variação do pH. A melhor faixa para o estudo da atividade enzimática da PPO é o pH entre 6,5-7.

Tabela A1 - Efeito do pH na Atividade Relativa de PPO (%) de caldos de cana em

| Variedade RB92579 (579) | | | | | | |
|-----------------------------------|-------------|--------------------|-------------|--------------------|-------------|--------------------|
| Atividade Relativa PPO (%) | | | | | | |
| pH | Topo | Des. padrão | Meio | Des. padrão | Base | Des. padrão |
| 5,5 | 0,73 | 0,46 | 0,07 | 0,03 | 0,08 | 0,04 |
| 6 | 0,88 | 0,38 | 0,12 | 0,05 | 0,14 | 0,08 |
| 6,5 | 1,00 | 0,17 | 0,12 | 0,07 | 0,17 | 0,10 |
| 7 | 0,96 | 0,32 | 0,21 | 0,06 | 0,17 | 0,05 |
| 7,5 | 0,69 | 0,51 | 0,18 | 0,06 | 0,14 | 0,08 |
| 8 | 0,20 | 0,03 | 0,11 | 0,06 | 0,07 | 0,10 |

diferentes partes na variedade RB92579.

Tabela A2 - Efeito do pH na atividade relativa de PPO (%) de caldo de cana em diferentes partes na variedade RB07818.

| Variedade RB07818 (818) | | | | | | |
|-----------------------------------|-------------|--------------------|-------------|--------------------|-------------|--------------------|
| Atividade Relativa PPO (%) | | | | | | |
| pH | Topo | Des. padrão | Meio | Des. padrão | Base | Des. padrão |
| 5,5 | 0,13 | 0,04 | 0,03 | 0,02 | 0,02 | 0,00 |
| 6 | 0,16 | 0,06 | 0,04 | 0,03 | 0,02 | 0,01 |
| 6,5 | 0,23 | 0,07 | 0,08 | 0,03 | 0,07 | 0,02 |
| 7 | 0,28 | 0,06 | 0,11 | 0,04 | 0,13 | 0,01 |
| 7,5 | 0,17 | 0,04 | 0,06 | 0,03 | 0,10 | 0,01 |
| 8 | 0,11 | 0,02 | 0,04 | 0,02 | 0,08 | 0,01 |

Tabela A3 - Efeito do pH na atividade relativa de PPO (%) de caldos de cana em diferentes partes na variedade RB951541.

| Variedade RB951541 (1541) | | | | | | |
|-----------------------------------|-------------|--------------------|-------------|--------------------|-------------|--------------------|
| Atividade Relativa PPO (%) | | | | | | |
| pH | Topo | Des. padrão | Meio | Des. padrão | Base | Des. padrão |
| 5,5 | 0,18 | 0,06 | 0,06 | 0,02 | 0,04 | 0,02 |
| 6 | 0,23 | 0,10 | 0,07 | 0,02 | 0,06 | 0,02 |
| 6,5 | 0,32 | 0,13 | 0,19 | 0,08 | 0,14 | 0,02 |
| 7 | 0,41 | 0,13 | 0,18 | 0,05 | 0,18 | 0,05 |
| 7,5 | 0,25 | 0,06 | 0,08 | 0,03 | 0,06 | 0,02 |
| 8 | 0,15 | 0,05 | 0,05 | 0,01 | 0,04 | 0,01 |

Tabela A4 - Efeito do pH na atividade relativa de PPO (%) de caldo de cana em diferentes partes na variedade SP791011.

| Variedade SP791011 (1011) | | | | | | |
|-----------------------------------|-------------|--------------------|-------------|--------------------|-------------|--------------------|
| Atividade Relativa PPO (%) | | | | | | |
| pH | Topo | Des. padrão | Meio | Des. padrão | Base | Des. padrão |
| 5,5 | 0,13 | 0,06 | 0,02 | 0,01 | 0,04 | 0,04 |
| 6 | 0,15 | 0,07 | 0,03 | 0,01 | 0,05 | 0,05 |
| 6,5 | 0,38 | 0,12 | 0,08 | 0,01 | 0,10 | 0,04 |
| 7 | 0,27 | 0,07 | 0,12 | 0,02 | 0,13 | 0,01 |
| 7,5 | 0,17 | 0,04 | 0,08 | 0,03 | 0,07 | 0,03 |
| 8 | 0,11 | 0,02 | 0,06 | 0,02 | 0,05 | 0,02 |

Concentração do efeito do substrato

As tabelas A5-A8 indicam a melhor concentração de substrato (catecol) para a atividade da polifenol oxidase. A concentração de 50 mM apresentou maior uniformidade entre as variedades.

Tabela A5 - Efeito da concentração de substrato na atividade relativa de PPO (%) do caldo de cana da variedade RB92579 em diferentes partes.

| Variedade RB92579 (579) | | | | | | |
|-----------------------------------|-------------|--------------------|-------------|--------------------|-------------|--------------------|
| Atividade Relativa PPO (%) | | | | | | |
| Substrato (mM) | Topo | Des. padrão | Meio | Des. padrão | Base | Des. padrão |
| 200 | 0,13 | 0,05 | 0,04 | 0,03 | 0,05 | 0,03 |
| 150 | 0,69 | 0,19 | 0,08 | 0,03 | 0,12 | 0,05 |
| 100 | 0,87 | 0,19 | 0,11 | 0,02 | 0,15 | 0,07 |
| 75 | 0,90 | 0,19 | 0,13 | 0,03 | 0,17 | 0,07 |
| 50 | 0,99 | 0,17 | 0,14 | 0,04 | 0,18 | 0,08 |
| 35 | 1,00 | 0,19 | 0,15 | 0,03 | 0,18 | 0,09 |
| 25 | 0,94 | 0,23 | 0,13 | 0,02 | 0,18 | 0,09 |
| 15 | 0,93 | 0,21 | 0,14 | 0,01 | 0,13 | 0,11 |

Tabela A6 - Efeito da concentração de substrato na atividade relativa de PPO (%) do caldo de cana da variedade RB07818 em diferentes partes.

| Variedade RB07818 (818) | | | | | | |
|-----------------------------------|-------------|--------------------|-------------|--------------------|-------------|--------------------|
| Atividade Relativa PPO (%) | | | | | | |
| Substrato (mM) | Topo | Des. padrão | Meio | Des. padrão | Base | Des. padrão |
| 200 | 0,05 | 0,01 | 0,03 | 0,02 | 0,03 | 0,03 |
| 150 | 0,88 | 0,17 | 0,45 | 0,05 | 0,52 | 0,04 |
| 100 | 0,97 | 0,17 | 0,41 | 0,07 | 0,44 | 0,04 |
| 75 | 0,97 | 0,22 | 0,37 | 0,07 | 0,35 | 0,03 |
| 50 | 0,99 | 0,22 | 0,30 | 0,06 | 0,27 | 0,04 |
| 35 | 0,98 | 0,24 | 0,26 | 0,06 | 0,24 | 0,05 |
| 25 | 1,00 | 0,25 | 0,21 | 0,05 | 0,18 | 0,05 |
| 15 | 0,95 | 0,24 | 0,16 | 0,06 | 0,13 | 0,04 |

Tabela A7 - Efeito da concentração de substrato na atividade relativa de PPO (%) do caldo de cana da variedade RB951541 em diferentes partes.

| Variedade RB951541 (1541) | | | | | | |
|-----------------------------------|-------------|--------------------|-------------|--------------------|-------------|--------------------|
| Atividade Relativa PPO (%) | | | | | | |
| Substrato (mM) | Topo | Des. padrão | Meio | Des. padrão | Base | Des. padrão |
| 200 | 0,08 | 0,02 | 0,05 | 0,03 | 0,14 | 0,16 |
| 150 | 0,68 | 0,11 | 0,32 | 0,03 | 0,33 | 0,07 |
| 100 | 0,79 | 0,11 | 0,31 | 0,02 | 0,32 | 0,08 |
| 75 | 0,87 | 0,15 | 0,37 | 0,03 | 0,34 | 0,10 |
| 50 | 0,97 | 0,23 | 0,37 | 0,03 | 0,34 | 0,10 |
| 35 | 1,00 | 0,26 | 0,35 | 0,05 | 0,34 | 0,11 |
| 25 | 0,96 | 0,30 | 0,32 | 0,06 | 0,25 | 0,10 |
| 15 | 0,94 | 0,25 | 0,34 | 0,04 | 0,25 | 0,10 |

Tabela A8 - Efeito da concentração de substrato na atividade relativa de PPO (%) do caldo de cana da variedade SP791011 em diferentes partes.

| Variedade SP791011 (1011) | | | | | | |
|-----------------------------------|-------------|--------------------|-------------|--------------------|-------------|--------------------|
| Atividade Relativa PPO (%) | | | | | | |
| Substrato (mM) | Topo | Des. padrão | Meio | Des. padrão | Base | Des. padrão |
| 200 | 0,07 | 0,03 | 0,03 | 0,01 | 0,03 | 0,01 |
| 150 | 0,85 | 0,15 | 0,43 | 0,05 | 0,45 | 0,07 |
| 100 | 0,86 | 0,04 | 0,38 | 0,02 | 0,39 | 0,09 |
| 75 | 0,98 | 0,26 | 0,33 | 0,03 | 0,41 | 0,21 |
| 50 | 1,00 | 0,30 | 0,30 | 0,04 | 0,32 | 0,11 |
| 35 | 0,98 | 0,32 | 0,27 | 0,04 | 0,30 | 0,07 |
| 25 | 0,97 | 0,35 | 0,25 | 0,08 | 0,27 | 0,04 |
| 15 | 0,90 | 0,31 | 0,20 | 0,09 | 0,23 | 0,06 |

Efeito do inibidor

As Tabelas A9-A12 demonstram o efeito do inibidor ácido ascórbico na atividade da polifenol oxidase (PPO). A partir de uma concentração de 15 mM já apresentam inibição significativa e com concentração de 20 mM há inibição completa em todas as variedades.

Tabela A9 - Efeito do inibidor na atividade relativa de PPO (%) do caldo de cana da

| Variedade RB92579 (579) | | | | | | |
|-----------------------------------|-------------|--------------------|-------------|--------------------|-------------|--------------------|
| Atividade Relativa PPO (%) | | | | | | |
| Ácido ascórbico (mM) | Topo | Des. padrão | Meio | Des. padrão | Base | Des. padrão |
| 20 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 |
| 15 | 0,03 | 0,02 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 |
| 10 | 0,67 | 0,17 | 0,01 | 0,00 | 0,00 | 0,00 |
| 5 | 0,96 | 0,07 | 0,11 | 0,07 | 0,15 | 0,15 |
| 2,5 | 1,00 | 0,06 | 0,22 | 0,04 | 0,29 | 0,15 |
| 0 | 0,93 | 0,04 | 0,33 | 0,03 | 0,36 | 0,14 |

variedade RB92579 em diferentes partes

Tabela A10 - Efeito do inibidor na atividade relativa de PPO (%) do caldo de cana da

| Variedade RB07818 (818) | | | | | | |
|-----------------------------------|-------------|--------------------|-------------|--------------------|-------------|--------------------|
| Atividade Relativa PPO (%) | | | | | | |
| Ácido ascórbico (mM) | Topo | Des. padrão | Meio | Des. padrão | Base | Des. padrão |
| 20 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 |
| 15 | 0,01 | 0,00 | 0,01 | 0,01 | 0,05 | 0,08 |
| 10 | 0,02 | 0,02 | 0,02 | 0,01 | 0,09 | 0,13 |
| 5 | 0,88 | 0,10 | 0,08 | 0,09 | 0,05 | 0,02 |
| 2,5 | 1,00 | 0,11 | 0,22 | 0,08 | 0,13 | 0,07 |
| 0 | 0,89 | 0,15 | 0,20 | 0,06 | 0,15 | 0,00 |

variedade RB07818 em diferentes partes.

Tabela A11 - Efeito do inibidor na atividade relativa de PPO (%) do caldo de cana da

| Variedade RB951541 (1541) | | | | | | |
|-----------------------------------|-------------|--------------------|-------------|--------------------|-------------|--------------------|
| Atividade Relativa PPO (%) | | | | | | |
| Ácido ascórbico (mM) | Topo | Des. padrão | Meio | Des. padrão | Base | Des. padrão |
| 20 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 |
| 15 | 0,01 | 0,00 | 0,01 | 0,01 | 0,01 | 0,00 |
| 10 | 0,09 | 0,11 | 0,01 | 0,00 | 0,19 | 0,35 |
| 5 | 0,96 | 0,20 | 0,56 | 0,13 | 0,55 | 0,09 |
| 2,5 | 1,00 | 0,16 | 0,66 | 0,08 | 0,66 | 0,10 |
| 0 | 0,88 | 0,11 | 0,48 | 0,07 | 0,42 | 0,06 |

variedade RB951541 em diferentes partes.

Tabela A12 - Efeito do inibidor na atividade relativa de PPO (%) do caldo de cana da

| Variedade SP791011 (1011) | | | | | | |
|-----------------------------------|-------------|--------------------|-------------|--------------------|-------------|--------------------|
| Atividade Relativa PPO (%) | | | | | | |
| Ácido ascórbico (mM) | Topo | Des. padrão | Meio | Des. padrão | Base | Des. padrão |
| 20 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 | 0,00 |
| 15 | 0,01 | 0,01 | 0,01 | 0,01 | 0,00 | 0,00 |
| 10 | 0,04 | 0,03 | 0,01 | 0,00 | 0,02 | 0,01 |
| 5 | 0,94 | 0,18 | 0,08 | 0,05 | 0,15 | 0,07 |
| 2,5 | 1,00 | 0,10 | 0,44 | 0,07 | 0,49 | 0,06 |
| 0 | 0,88 | 0,12 | 0,29 | 0,06 | 0,25 | 0,04 |

variedade SP791011 em diferentes partes.

Termiestabilidade of PPO

Os efeitos da temperatura nas características termodinâmicas do PPO do caldo de cana RB92579, como constante de desnaturação (k_d) e meia-vida ($t_{1/2}$) estão resumidos na Tabela 13 e indicam que o PPO foi desativado termicamente.

Tabela A13 - Parâmetros termodinâmicos para desnaturação térmica do caldo de cana RB92579

| Temperature (°C) | k_d (h ⁻¹) | $t_{1/2}$ (h) |
|------------------|--------------------------|---------------|
| 30 | 0.357 | 1.935 |
| 40 | 0.483 | 1.430 |
| 50 | 1.055 | 0.654 |
| 60 | 2.538 | 0.272 |
| 70 | 3.242 | 0.213 |

Figura A1 – Atividade residual do PPO em diferentes temperaturas em caldo de cana, variedade RB92579 no topo.

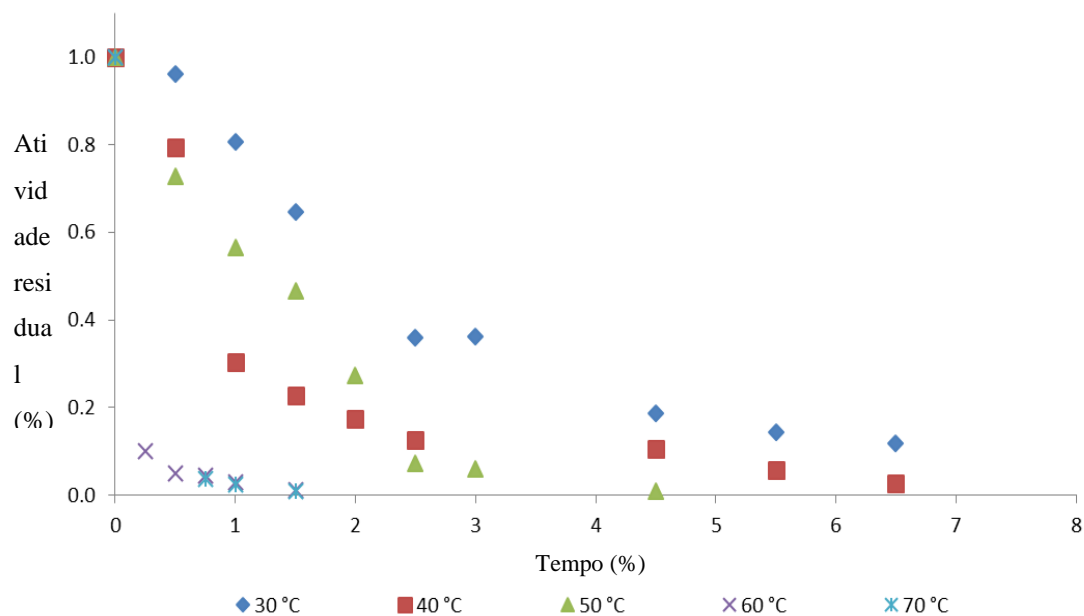


Tabela A14 – Desreplicação de compostos identificados no caldo de cana-de-açúcar

| Metabólito (ID) | RT (min) | [M-H] ⁻ | [M+H] ⁺ | UV | MS/MS neg (% intensidade) | MS/MS pos (% intensidade) | Fórmula | Erro (ppm) | Discriminante (Grupo) | Ref./Banco de dados |
|--|----------|--------------------|--|-----------------|--|---|---|---------------------------|-----------------------|---|
| Orientin (1) | 10.56 | 447.0929 | 449.1098 | 346, 269 | 447 (precur.) → 285 (4), 297 (5), 327 (93), 357 (74), 369 (3), 429 (7) | 449 (precur.) → 287 (3), 299 (64), 311 (4), 329 (100), 339 (10), 353 (38), 365 (10), 377 (8), 383 (15), 395 (23), 413 (30), 431 (23) | C ₂₁ H ₂₀ O ₁₁ | 0.8 (neg); 4.5 (pos) | G2, G3 and G4 | Coutinho et al. (2016) ¹⁰ |
| 5-O-(<i>E</i>)-caffeoylquinic acid (2) | 8.42 | 353.0882 | 355.1030 | 325, 300sh, 239 | 353 (precur.) → 173 (2), 179 (2), 191 (100) | 355 (precur.) → 135 (5), 145 (6), 163 (100) | C ₁₆ H ₁₈ O ₉ | -1.1 (neg); -1.7 pos | G3 and G4 | Coutinho et al. (2016) |
| Vitexin (5) | 11.74 | 431.0980 | 433.1149 | 335, 270 | 431 (precur.) → 283 (4), 311 (100), 341 (36) | 433 (precur.) → 271 (5), 283 (92), 295 (4), 313 (100), 323 (17), 337 (44), 349 (12), 361 (10), 367 (16), 379 (26), 397 (27), 415 (17) | C ₂₁ H ₂₀ O ₁₀ | 0.9 (neg); -4.6 (pos) | G3 and G4 | Coutinho et al. (2016); Knapsack DB |
| Caffeoylglucarate acid isomer (6) | 9.47 | 371.0612 | 390.1033 [M+NH ₄] ⁺ | 280 | 371 (precur.) → 85 (54), 111 (100), 129 (4), 155 (12), 173 (6) | - | C ₁₅ H ₁₆ O ₁₁ | 2.1 (neg); -0.6 (pos) | G3 and G4 | Coutinho et al. (2016); Rodrigues et al. (2021) ¹⁸ |
| <i>trans</i> -Aconitic acid (7) | 2.49 | 173.0090 | 157.0134 [M-H ₂ O+H] ⁺ | - | 173 (precur.) → 85 (100), 129 (1) | 157 (precur.) → 111 (100), 139 (10) | C ₆ H ₆ O ₆ | 1.1 (neg); -1.4 (pos) | G4 | PubChem; HMDB; KEGG |
| Lutolin-7-O-hexoside (8) | 11.17 | 447.0928 | 449.1090 | 340, 261 | 447 (precur.) → 285 (77) | 449 (precur.) → 287 (100) | C ₂₁ H ₂₀ O ₁₁ | 1.1 (neg); -2.6 (pos) | G2, G3 and G4 | PubChem; HMDB; KEGG |
| 4-O-(<i>E</i>)-caffeoylquinic acid (9) | 8.15 | 353.0879 | 355.1026 | 325, 300sh, 240 | 353 (precur.) → 93 (11), 135 (69), 173 (100), 179 (77), 191 (92), | 163 (precur.) → 89 (100), 117 (40), 135 (43), 145 (8) | C ₁₆ H ₁₈ O ₉ | -0.2 (neg); -0.7 (pos) | G3 and G4 | Coutinho et al. (2016) |
| Unidentified (12) | 5.80 | 251.0560 | 275.0522 [M+Na] ⁺ | 273, 223 | 251 (precur.) → 85 (17), 93 (9), 121 (23), 145 (100), 189 (15) | - | C ₁₂ H ₁₂ O ₆ | 0.2 (neg); 1.5 (pos) | G1 and G2 | - |
| 6-C-glycoside-diosmetin (13) | 12.12 | 461.1080 | 463.1254 | 331, 272 | 461 (precur.) → 298 (5), 341 (100), 371 (22) | 463 (precur.) → 313 (82), 343 (100), 353 (13), 367 (47), 379 (12), 397 (17), 409 (32), 427 (29), 445 (21) | C ₂₂ H ₂₂ O ₁₁ | 2.0 (neg); -4.0 (pos) | G2, G3 and G4 | Coutinho et al. (2016); Rodrigues et al. (2021); De Oliveira et al. (2014) ¹ |

| | | | | | | | | | | |
|--|-------|----------|---|-----------------------|---|--|---|---------------------------|---------------|---|
| Luteolin (14) | 16.03 | 285.0392 | 287.0552 | 344, 267 | 285 (precur.) → 133 (9), 151 (5), 175 (2), 199 (1) | 287 (precur.) → 135 (5), 153 (8), 163 (1), 241 (1) | C ₁₅ H ₁₀ O ₆ | 4.5 (neg); -0.7 | G2, G3 and G4 | PubChem; HMDB; KEGG |
| Taxifolin-3-O-glucoside or taxifolin-7-O-glucoside (16) | 10.22 | 465.1033 | 467.1186 | 289; 210 | 465 (precur.) → 109 (16), 125 (88), 133 (100), 149 (17), 167 (7), 177 (52), 193 (72), 285 (35), 303 (29), 355 (6) | 305 (precur.) → 127 (3), 137 (100), 153 (51), 179 (6) | C ₂₁ H ₂₂ O ₁₂ | 1.3 (neg); -0.4 (pos) | G4 | Sriseadka et al. (2012); Álvarez-Fernandez et al. (2016) ^{2,3} |
| Maysin (20) | 12.96 | 575.14 | 577.16 | 342, 284sh, 271 | 575 (precur.) → 285 (3), 297 (5), 325 (6), 367 (10), 411 (41), 429 (7), 473 (10) | 577 (precur.) → 299 (12), 315 (5), 329 (21), 341 (3), 353 (6), 369 (30), 387 (6), 395 (14), 413 (71), 431 (100) | C ₂₇ H ₂₈ O ₁₄ | 3.7 (neg); -2.3 (pos) | G3 and G4 | MassBank Europe |
| Isoswertiajaponin (24) | 10.84 | 461.1096 | 463.1232 | 346, 269 | 461 (precur.) → 313 (4), 341 (3) | 463 (precur.) → 301 (4), 313 (100), 339 (10), 343 (68), 353 (18), 367 (54), 391 (13), 397 (16), 409 (29), 427 (34), 445 (24) | C ₂₂ H ₂₂ O ₁₁ | -1.4 (neg); 0.5 (pos) | G1 | Li et al. (2006); Wu et al. (2013) ^{4,5} |
| Unidentified (25) | 11.17 | 535.1813 | 554.2228 [M+NH ₄] ⁺ | 279, 324sh | 535 (precur.) → 175 (2), 299 (5), 329 (100), 373 (3), 491 (2) | - | C ₂₆ H ₃₂ O ₁₂ | 1.4 (neg); 0.8 (pos) | G1 | - |
| Orientin 7,3'-dimethyl ether (37) | 12.52 | 475.1259 | 477.1400 | 345, 270 | 475 (precur.) → 460 (32) | 477 (precur.) → 315 (3), 327 (100), 379 (69), 367 (16), 381 (53), 393 (8), 405 (16), 411 (15), 423 (29), 441 (39), 459 (21) | C ₂₃ H ₂₄ O ₁₁ | -2.8 (neg); -1.8 (pos) | G1 | Mabry et al. (1984) ⁶ |
| Apigenin-7-O-glucoside (45) | 12.37 | 431.0967 | 433.1135 | 330, 261 | 431 (precur.) → 269 (100) | 271 (precur.) → 119 (3), 153 (15) | C ₂₁ H ₂₀ O ₁₀ | 3.9 (neg); -1.4 (pos) | G3 and G4 | Castro-Moretti et al. (2021) ⁷ ; PubChem |
| Naringenin-4'-O-glucoside or Naringenin-7-O-glucoside (46) | 11.42 | 433.1131 | 435.1295 | 281, 325sh | 433 (precur.) → 119 (3), 151 (18), 161 (3), 271 (100) | 273 (precur.) → 119 (11), 123 (5), 147 (39), 153 (100) | C ₂₁ H ₂₂ O ₁₀ | 2.1 (neg); -2.2 (pos) | G2, G3 and G4 | Rao et al. (2022) ⁸ ; PubChem |
| Isovitexin-7-O-rhamnoside (47) | 11.27 | 577.1551 | 579.1716 | 335, 262 | 431 (precur.) → 271 (6), 283 (8), 311 (100), 341 (6) | 579 (precur.) → 283 (30), 313 (83), 337 (49), 367 (33), 379 (25), 397 (44), 415 (55), 433 (100) | C ₂₇ H ₃₀ O ₁₄ | 2.0 (neg); -1.3 (pos) | G3 | Piasecka et al. (2015) ⁹ |
| Diosmetin-7-O-glucoside (48) | 12.75 | 461.1076 | 463.1242 | 339, 263 | 461 (precur.) → 284 (3), 299 (100) | 463 (precur.) → 286 (2), 301 (100) | C ₂₂ H ₂₂ O ₁₁ | 2.9 (neg); -1.6 (pos) | G2 and G3 | Rodrigues et al. (2021) |
| Derhamnosylmay | 13.69 | 429.0807 | 431.0987 | 336, | - | 431 (precur.) → 137 (5), 147 | C ₂₁ H ₁₈ O ₁₀ | 4.8 (neg); | G3 and G4 | Rafsanjany et al. |

| | | | | | | | | | | |
|--|-------|----------|----------|-----------------|---|---|---|-----------------------|---------------|--|
| sin (52) | | | | 269 | | (5), 153 (7), 273 (28), 299 (30), 313 (7), 329 (70), 341 (5), 359 (9), 369 (10), 387 (14), 413 (36) | | -3.2 (pos) | | (2015) ¹¹ |
| 3-O-(<i>E</i>)-caffeoylquinic acid (60) | 6.47 | 353.0877 | 355.1026 | 324, 300sh, 244 | 353 (precur.) → 135 (36), 179 (51), 191 (100) | - | C ₁₆ H ₁₈ O ₉ | 0.3 (neg); -0.5 (pos) | G3 and G4 | Clifford et al. (2003) ¹² ; Coutinho et al. (2016) |
| Naringenin-4'-O-glucoside or Naringenin-7-O-glucoside (72) | 11.07 | 433.1129 | 435.1278 | 281, 324sh | 433 (precur.) → 119 (4), 151 (19), 271 (100) | - | C ₂₁ H ₂₂ O ₁₀ | 2.6 (neg); 1.7 (pos) | G2, G3 and G4 | Fetni et al. (2020) ¹³ |
| 3,4-di-O-(<i>E</i>)-caffeoylquinic acid (75) | 12.03 | 515.1194 | 517.1356 | 324, 301sh, 241 | 515 (precur.) → 135 (13), 161 (11), 173 (100), 179 (84), 191 (36), 335 (20), 353 (77) | - | C ₂₅ H ₂₄ O ₁₂ | 0.2 (neg); -3.0 (pos) | G4 | Clifford et al. (2003); Parveen et al. (2011); Zhou et al. (2020) ^{14,15} |
| 4,5-di-O-(<i>E</i>)-caffeoylquinic acid (76) | 13.05 | 515.1181 | 517.1353 | 324, 301sh, 241 | 515 (precur.) → 135 (8), 173 (84), 179 (59), 191 (21), 353 (100) | - | C ₂₅ H ₂₄ O ₁₂ | 2.7 (neg); -2.4 (pos) | G4 | Clifford et al. (2003); Parveen et al. (2011); Zhou et al. (2020) |
| Swertisin (101) | 12.11 | 445.1143 | 447.1281 | 333, 270 | 445 (precur.) → 297 (4), 325 (3) | 447 (precur.) → 285 (3), 297 (100), 323 (10), 327 (56), 337 (16), 351 (40), 363 (8), 375 (12), 381 (14), 393 (24), 411 (29), 429 (17) | C ₂₂ H ₂₂ O ₁₀ | -0.7 (neg); 1.1 (pos) | G1 | Colombo et al. (2009); Deseo et al. (2020) ^{16,17} |

Referências da Tabela A14

- (1) de Oliveira, D. R.; Zamberlam, C. R.; Gaiardo, R. B.; Rêgo, G. M.; Cerutti, J. M.; Cavalheiro, A. J.; Cerutti, S. M. Flavones from *Erythrina Falcata* Are Modulators of Fear Memory. *BMC Complement. Altern. Med.* **2014**, *14* (1), 1–17. <https://doi.org/10.1186/1472-6882-14-288>.
- (2) Sriseadka, T.; Wongpornchai, S.; Rayanakorn, M. Quantification of Flavonoids in Black Rice by Liquid Chromatography-Negative Electrospray Ionization Tandem Mass Spectrometry. *J. Agric. Food Chem.* **2012**, *60* (47), 11723–11732. <https://doi.org/10.1021/jf303204s>.
- (3) Álvarez-Fernández, M. A.; Hornedo-Ortega, R.; Cerezo, A. B.; Troncoso, A. M.; García-Parrilla, M. C. Determination of Nonanthocyanin Phenolic Compounds Using High-Resolution Mass Spectrometry (UHPLC-Orbitrap-MS/MS) and Impact of Storage Conditions in a Beverage Made from Strawberry by Fermentation. *J. Agric. Food Chem.* **2016**, *64* (6), 1367–1376. <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.5b05617>.
- (4) Li, X.; Xiong, Z.; Ying, X.; Cui, L.; Zhu, W.; Li, F. A Rapid Ultra-Performance Liquid Chromatography-Electrospray Ionization Tandem Mass Spectrometric Method for the Qualitative and Quantitative Analysis of the Constituents of the Flower of *Trollius Ledibouri* Reichb. *Anal. Chim. Acta* **2006**, *580* (2), 170–180. <https://doi.org/10.1016/j.aca.2006.07.069>.
- (5) Wu, L.-Z.; Zhang, X.-P.; Xu, X.-D.; Zheng, Q.-X.; Yang, J.-S.; Ding, W.-L. Characterization of Aromatic Glycosides in the Extracts of *Trollius* Species by Ultra High-Performance Liquid Chromatography Coupled with Electrospray Ionization Quadrupole Time-of-Flight Tandem Mass Spectrometry. *J. Pharm. Biomed. Anal.* **2013**, *75*, 55–63. <https://doi.org/10.1016/j.jpba.2012.11.015>.
- (6) Mabry, T. J.; Liu, Y.-L.; Pearce, J.; Dellamonica, G.; Chopin, J.; Markham, K. R.; Paton, N. H.; Smith, P. New Flavonoids from Sugarcane (*Saccharum*). *J. Nat. Prod.* **1984**, *47* (1), 127–130. <https://doi.org/10.1021/np50031a018>.
- (7) Castro-Moretti, F. R.; Cocuron, J.-C.; Cia, M. C.; Cataldi, T. R.; Labate, C. A.; Alonso, A. P.; Camargo, L. E. A. Targeted Metabolic Profiles of the Leaves and Xylem Sap of Two Sugarcane Genotypes Infected with the Vascular Bacterial Pathogen *Leifsonia Xyli* Subsp. *Xyli*. *Metabolites* **2021**, *11* (4), 234. <https://doi.org/10.3390/metabo11040234>.
- (8) Rao, M. J.; Duan, M.; Yang, M.; Fan, H.; Shen, S.; Hu, L.; Wang, L. Novel Insights into Anthocyanin Metabolism and Molecular Characterization of Associated Genes in Sugarcane Rinds Using the Metabolome and Transcriptome. *Int. J. Mol. Sci.* **2022**, *23* (1), 338. <https://doi.org/10.3390/ijms23010338>.

- (9) Piasecka, A.; Sawikowska, A.; Krajewski, P.; Kachlicki, P. Combined Mass Spectrometric and Chromatographic Methods for In-Depth Analysis of Phenolic Secondary Metabolites in Barley Leaves. *J. Mass Spectrom.* **2015**, *50* (3), 513–532. <https://doi.org/10.1002/jms.3557>.
- (10) Coutinho, I. D.; Baker, J. M.; Ward, J. L.; Beale, M. H.; Creste, S.; Cavalheiro, A. J. Metabolite Profiling of Sugarcane Genotypes and Identification of Flavonoid Glycosides and Phenolic Acids. *J. Agric. Food Chem.* **2016**, *64* (21), 4198–4206. <https://doi.org/10.1021/acs.jafc.6b01210>.
- (11) Rafsanjany, N.; Sendker, J.; Lechtenberg, M.; Petereit, F.; Scharf, B.; Hensel, A. Traditionally Used Medicinal Plants against Uncomplicated Urinary Tract Infections: Are Unusual, Flavan-4-Ol- and Derhamnosylmaysin Derivatives Responsible for the Antiadhesive Activity of Extracts Obtained from Stigmata of *Zea Mays* L. against Uropathogen. *Fitoterapia* **2015**, *105*, 246–253. <https://doi.org/10.1016/j.fitote.2015.07.014>.
- (12) Clifford, M. N.; Johnston, K. L.; Knight, S.; Kuhnert, N. Hierarchical Scheme for LC-MS n Identification of Chlorogenic Acids. *J. Agric. Food Chem.* **2003**, *51* (10), 2900–2911. <https://doi.org/10.1021/jf026187q>.
- (13) Fetni, S.; Bertella, N.; Ouahab, A. LC–DAD/ESI–MS/MS Characterization of Phenolic Constituents in *Rosa Canina* L. and Its Protective Effect in Cells. *Biomed. Chromatogr.* **2020**, *34* (12), 1–17. <https://doi.org/10.1002/bmc.4961>.
- (14) Parveen, I.; Threadgill, M. D.; Hauck, B.; Donnison, I.; Winters, A. Isolation, Identification and Quantitation of Hydroxycinnamic Acid Conjugates, Potential Platform Chemicals, in the Leaves and Stems of *Miscanthus*×*Giganteus* Using LC–ESI-MS. *Phytochemistry* **2011**, *72* (18), 2376–2384. <https://doi.org/10.1016/j.phytochem.2011.08.015>.
- (15) Zhou, R.; Liu, X.; Chen, L.; Huang, J.; Liang, X.; Wan, D.; Zhang, S.; Huang, L. Comparison of the Antioxidant Activities and Phenolic Content of Five *Lonicera* Flowers by HPLC-DAD/MS-DPPH and Chemometrics. *Int. J. Anal. Chem.* **2020**, *2020*, 1–6. <https://doi.org/10.1155/2020/2348903>.
- (16) Colombo, R.; Yariwake, J. H.; Queiroz, E. F.; Ndjoko, K.; Hostettmann, K. On-Line Identification of Minor Flavones from Sugarcane Juice by LC/UV/MS and Post-Column Derivatization. *J. Braz. Chem. Soc.* **2009**, *20* (9), 1574–1579. <https://doi.org/10.1590/S0103-50532009000900003>.
- (17) Deseo, M. A.; Elkins, A.; Rochfort, S.; Kitchen, B. Antioxidant Activity and Polyphenol Composition of Sugarcane Molasses Extract. *Food Chem.* **2020**, *314* (January), 126180. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2020.126180>.
- (18) Rodrigues, N. P.; Brochier, B.; de Medeiros, J. K.; Marczak, L. D. F.; Mercali, G. D. Phenolic Profile of Sugarcane Juice: Effects of Harvest Season and Processing by Ohmic

Heating and Ultrasound. *Food Chem.* **2021**, *347* (January), 129058.
<https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2021.129058>.

Apêndice 02

Informações complementares referentes ao Capítulo 03

Expressão genica dos genes de PPO anotados por meio de dados públicos de RNA-Seq nas variedades SP80-3280 (Bioproject: PRJEB44302 / Biosample: SAMEA8568862) e RB92579 Bioproject: PRJEB44302 / Biosample: SAMEA8568856, de colmo (entrenós) imaturos +1

| PPO Gene | Variedade SP803280* | Variedade RB92579* |
|-----------------|----------------------------|---------------------------|
| ShPPO01 | 0.000000 | 0.000000 |
| ShPPO02 | 83.719163 | 0.000000 |
| ShPPO03 | 477.358978 | 0.000000 |
| ShPPO04 | 117951.559316 | 197711.761290 |
| ShPPO05 | 0.000000 | 0.000000 |
| ShPPO06 | 17338.189907 | 27242.140477 |
| ShPPO07 | 0.000000 | 0.000000 |
| ShPPO08 | 168092.291486 | 109856.235502 |
| ShPPO09 | 0.000000 | 0.000000 |
| ShPPO10 | 0.000000 | 0.000000 |
| ShPPO11 | 98048.709135 | 128287.768715 |
| ShPPO12 | 110337.822980 | 199613.371039 |
| ShPPO13 | 12605.146425 | 20145.697419 |
| ShPPO14 | 130126.198364 | 83312.317104 |
| ShPPO15 | 37434.121809 | 3299.498456 |
| ShPPO16 | 119594.298954 | 108069.717169 |
| ShPPO17 | 139590.929410 | 40521.117317 |
| ShPPO18 | 16446.647236 | 10823.924186 |
| ShPPO19 | 31829.924699 | 56856.612525 |
| ShPPO20 | 0.000507 | 14077.858201 |
| ShPPO21 | 0.000000 | 0.000000 |
| ShPPO22 | 43.081629 | 0.000000 |
| ShPPO23 | 0.000000 | 181.980598 |
| ShPPO24 | 0.000000 | 0.000000 |
| ShPPO25 | 0.000000 | 0.000000 |
| ShPPO26 | 0.000000 | 0.000000 |

*número de cópias

Sequência do vetor E305-RNAi para o controle da transcrição da PPO em cana-de-açúcar

GGCAGGATATATTCAATTGTAAATGGCTTCATGTCCGGGAAATCTACATGGATCAGCAATGA
GTATGATGGTCAATATGGAGAAAAAGAAAGAGTAATTACCAATTTTTTTTTCAATTCAAAAAT
GTAGATGTCCGCAGCGTTATTATAAAAATGAAAGTACATTTTGATAAAAACGACAAATTACGAT
CCGTGCTATTTATAGGCGAAAGCAATAAACAAATTATTCTAATTCGGAAATCTTTATTTTCGA
CGTGTCTACATTCACGTCCAAATGGGGGCTTAGATGAGAACTTCACGATCGGCTCTAGACG
GGCCAACATGGTGGAGCACGACACTCTCGTCTACTCCAAGAATATCAAAGATACAGTCTCAG
AAGACCAAAGGGCTATTGAGACTTTTCAACAAAGGGTAATATCGGGAAACCTCCTCGGATTC
CATTGCCAGCTATCTGTCACTTCATCAAAGGACAGTAGAAAAGGAAGGTGGCACCTACAA
ATGCCATCATTGCGATAAAGGAAAGGCTATCGTTCAAGATGCCTCTGCCGACAGTGGTCCCA
AAGATGGACCCCCACCCACGAGGAGCATCGTGGAAAAAGAAGACGTTCCAACCACGTCTTCA
AAGCAAGTGGATTGATGTGAACATGGTGGAGCACGACACTCTCGTCTACTCCAAGAATATCA
AAGATACAGTCTCAGAAGACCAAAGGGCTATTGAGACTTTTCAACAAAGGGTAATATCGGGA
AACCTCCTCGGATTCATTGCCAGCTATCTGTCACTTCATCAAAGGACAGTAGAAAAGGA
AGGTGGCACCTACAAATGCCATCATTGCGATAAAGGAAAGGCTATCGTTCAAGATGCCTCTG
CCGACAGTGGTCCCAAAGATGGACCCCCACCCACGAGGAGCATCGTGGAAAAAGAAGACCTT
CCAACCACGTCTTCAAAGCAAGTGGATTGATGTGATATCTCCACTGACGTAAGGGATGACGC
ACAATCCCCTATCCTTCGCAAGACCCTTCCTCTATATAAGGAAGTTCATTTTCATTTGGAGA
GGACACGCTGAAATCACCAGTCTCTCTCTACAAATCTATCTCTCTCGAGTCCTCCACCGAAA
TGGGCCCCGAGCGCAGGCCCGCCGACATCCGCCGTGCCACCGAGGCCGACATGCCAGCCGTC
TGCACCATCGTGAACCACTACATCGAGACCTCCACGGTCAACTTCCGCACAGAGCCGCAGGA
GCCTCAGGAGTGGACCGACGACCTCGTGAGGCTGCGCGAGCGCTACCCCTGGCTCGTCGCTG
AGGTGGATGGCGAGGTCGCCGGCATCGCCTACGCGGGCCCTGGAAGGTAAGTTTCTGCTTC
TACCTTTGATATATATAATAATTATCATTAATTAGTAGTAATATAATATTTCAAATATTT
TTTTCAAATAAAAAGAATGTAGTATATAGCAATTGCTTTTTCTGTAGTTTATAAGTGTGTATA
TTTTAATTTATAACTTTTCTAATATATGACCAAATTTGTTGATGTGCAGGCACGCAACGCC
TACGACTGGACGGCGGAGAGCACCGTCTACGTGTCCCCACGCCACCAGCGCACCCGGCCTGGG
CTCCACGCTCTACACCCACCTGCTCAAGAGCCTGGAGGCCAGGGCTTCAAGTCCGTGGTTCG
CTGTGATCGGCCTCCCCAACGACCCGAGCGTCCGTATGCACGAGGCCCTCGGCTACGCGCCC
CGCGGGATGCTGAGGGCCGCGGGCTTCAAGCACGGCAACTGGCACGACGTGGGCTTCTGGCA

GCTCGACTTCTCCCTGCCTGTCCCACCCCGCCGGTGCTCCCCGTCACCGAAATCTGAACTC
CGGAATCGCGTTCGAGTATTATGGCATTGGGAAAAC TGT TTTTCTTGTACCATTTGTTGTGC
TTGTAATTTACTGTGTTTTTTTATTCGGTTTTTCGCTATCGAACTGTGAAATGGAAATGGATGG
AGAAGAGTTAATGAATGATATGGTCCTTTTGTTCATTCTCAAATTAATATTATTTGTTTTTT
CTCTTATTTGTTGTGTGTTGAATTTGAAATTATAAGAGATATGCAAACATTTTGT TTTGAGT
AAAAATGTGTCAAATCGTGGCCTCTAATGACCGAAGTTAATATGAGGAGTAAAACACTGAAG
CCTGCAGGCATGCAAGCTGATCCACTAGAGGCCATGGGGCCAATTTAAATGGCGTACGTGC
AGTGCAGCGTGACCCGGTCGTGCCCTCTCTAGAGATAATGAGCATTGCATGTCTAAGTTAT
AAAAAATTACCACATATTTTTTTTTGTCACACTTGTTTGAAGTGCAGTTTATCTATCTTTATA
CATATATTTAAACTTTACTCTACGAATAATATAATCTATAGTACTACAATAATATCAGTGTT
TTAGAGAATCATATAAATGAACAGTTAGACATGGTCTAAAGGACAATTGAGTATTTTGACAA
CAGGACTCTACAGTTTTATCTTTTTTAGTGTGCATGTGTTCTCCTTTTTTTTTTGCAAATAGCT
TCACCTATATAATACTTCATCCATTTTATTAGTACATCCATTTAGGGTTTAGGGTTAATGGT
TTTTATAGACTAATTTTTTTTAGTACATCTATTTTATTCTATTTTAGCCTCTAAATTAAGAAA
ACTAAACTCTATTTTAGTTTTTTTTATTTAATAATTTAGATATAAAAATAGAATAAAATAAAG
TGACTAAAAATTAACAAATACCCTTTAAGAAATTAAAAAAACTAAGGAAACATTTTTCTTG
TTTCGAGTAGATAATGCCAGCCTGTTAAACGCCGTCGATCGACGAGTCTAACGGACACCAAC
CAGCGAACCAGCAGCGTCGCGTCGGGCCAAGCGAAGCAGACGGCACGGCATCTCTGTCTGCTG
CCTCTGGACCCCTCTCGAGAGTCCGCTCCACCGTTGGACTTGCTCCGCTGTCGGCATCCAG
AAATTGCGTGGCGGAGCGGCAGACGTGAGCCGGCACGGCAGGCGGCCTCCTCCTCCTCTCAC
GGCACCGGCAGCTACGGGGGATTCCCTTTCCCACCGCTCCTTCGCTTTCCCTCCTCGCCCGC
CGTAATAAATAGACACCCCTCCACACCCTCTTTCCCAACCTCGTGTTGTTTCGGAGCGCAC
ACACACACAACCAGATCTCCCCAAATCCACCCGTCGGCACCTCCGCTTCAAGGTACGCCGC
TCGTCTCCCCCCCCCTCTCTACCTTCTCTAGATCGGCGTTCCGGTCCATGGTTAGGG
CCCGGTAGTTCTACTTCTGTTTCATGTTTGTGTTAGATCCGTGTTTGTGTTAGATCCGTGCTG
CTAGCGTTCGTACACGGATGCGACCTGTACGTCAGACACGTTCTGATTGCTAACTTGCCAGT
GTTTCTCTTTGGGGAATCCTGGGATGGCTCTAGCCGTTCCGCAGACGGGATCGATCTAGGAT
AGGTATACATGTTGATGTGGGTTTTACTGATGCATATACATGATGGCATATGCAGCATCTAT
TCATATGCTCTAACCTTGAGTACCTATCTATTATAATAAACAAGTATGTTTTATAATTATTT
TGATCTTGATATACTTGATGATGGCATATGCAGCAGCTATATGTGGATTTTTTTTAGCCCTG
CCTTCATACGCTATTTATTTGCTTGGTACTGTTTCTTTTGTGATGCTCACCTGTTGTTTG
GTGTTACTTCTGCAGGTACTAGTTCCTTTGGGCCCTTGAAATCGATGGGCTTCGCATCCCTG
TGGCTGAGGTAGTCTAGGTCGACCAGCGGTTGACGTTCCCGTGTTCGGTGGGGTTCGTA
CAGCGGGTTGGCAAAGGCGTCTTGAAGAGAGCCGGCACCACCATGCCGGCCGGCGCGTCCC

AGCTCCAGAACGGCAGCGCGAAGGTTTTGTCGCCGATGAGGTCGCCCCCGGGTCTGGGAGGC
CAAGGTATCTAATCAGCCATCCCATTTGTGATCTTTGTCAGTAGATATGATACAACAACCTCG
CGGTTGACTTGCGCCTTCTTGGCGGCTTATCTGTCTTAGGGGCAGACTCCCGTAAGCTTGGC
GACCTCATCGGCGACAAAACCTTCGCGCTGCCGTTCTGGAGCTGGGACGCGCCGGCCGGCAT
GGTGGTGCCGGCTCTCTTCAAGGACGCCTTTGCCAACCCGCTGTACGACCCCAACCGGAACA
CGGCGAACGTCAACGCGCTGGTCGACCTAGACTACCTCAGCCACAGGGATGCGAAGCCCATC
GATTTCAAGGGCCCAAAGGACTCGACTCGAATTTCCCGATCGTTCAAACATTTGGCAATAA
AGTTTCTTAAGATTGAATCCTGTTGCCGGTCTTGCATGATTATCATATAAATTTCTGTTGAA
TTACGTTAAGCATGTAATAATTAACATGTAATGCATGACGTTATTTATGAGATGGGTTTTTA
TGATTAGAGTCCCGCAATTATACATTTAATACGCGATAGAAAACAAAATATAGCGCGCAAAC
TAGGATAAATTATCGCGCGCGGTGTCATCTATGTTACTAGATCGCTCGACGCATGCTGGTAC
CTGACGTCTGCGGCCGCATTAATTAAGGCCCTAAGGGCCAGATCTTGGGCCCGGTACCCGAT
CAGATTGTCGTTTCCCGCCTTCGGTTTAAACTATCAGTGTTTGACAGGATATATTGGCGGGT
AAACCTAAGAGAAAAGAGCGTTTATTAGAATAATCGGATATTTAAAAGGGCGTGAAAAGGTT
TATCCGTTCGTCCATTTGTATGTGCATGCCAACACAGGGTTCCCTCGGGAGTGCTTGGA
TTCCGTGCGATAATGACTTCTGTTCAACCACCCAAACGTCGGAAAGCCTGACGACGGAGCAG
CATTCCAAAAAGATCCCTTGGCTCGTCTGGGTGCGCTAGAAGGTCGAGTGGGCTGCTGTGGC
TTGATCCCTCAACGCGGTGCGGGACGTAGCGCAGCGCCGAAAATCCTCGATCGCAAATCCG
ACGCTGTGCGAAAAGCGTGATCTGCTTGTGCTCTTTTCGGCCGACGTCCTGGCCAGTCATCAC
GCGCCAAAGTTCCGTACAGGATGATCTGGCGCGAGTTGCTGGATCTCGCCTTCAATCCGGG
TCTGTGGCGGGAACCTCACGAAAATATCCGAACGCAGCAAGATATCGCGGTGCATCTCGGT
TTGCCTGGGCAGTCGCCGCCGACGCCGTTGATGTGGACGCCGAAAAGGATCTAGGTGAAGAT
CCTTTTTGATAATCTCATGACCAAAATCCCTTAACGTGAGTTTTTCGTTCCACTGAGCGTCAG
ACCCCGTAGAAAAGATCAAAGGATCTTCTTGAGATCCTTTTTTTCTGCGCGTAATCTGCTGC
TTGCAAACAAAAAACCACCGCTACCAGCGGTGGTTTGTGTTGCCGGATCAAGAGCTACCAAC
TCTTTTTCCGAAGGTAACCTGGCTTCAGCAGAGCGCAGATACCAAATACTGTTCTTCTAGTGT
AGCCGTAGTTAGGCCACCCTTCAAGAACTCTGTAGCACCGCCTACATACCTCGCTCTGCTA
ATCCTGTTACCAGTGGCTGCTGCCAGTGGCGATAAGTCGTGTCTTACCGGGTTGGACTCAAG
ACGATAGTTACCGGATAAGGCGCAGCGGTGCGGCTGAACGGGGGGTTCGTGCACACAGCCCA
GCTTGGAGCGAACGACCTACACCGAACTGAGATACCTACAGCGTGAGCTATGAGAAAGCGCC
ACGCTTCCCGAAGGGAGAAAAGGCGGACAGGTATCCGGTAAGCGGCAGGGTTCGGAACAGGAGA
GCGCACGAGGGAGCTTCCAGGGGGAAACGCCTGGTATCTTTATAGTCCTGTGCGGGTTTCGCC
ACCTCTGACTTGAGCGTCGATTTTTGTGATGCTCGTCAGGGGGCGGAGCCTATGAAAAAC
GCCAGCAACGCGGCCTTTTTACGGTTCCTGGCCTTTTGCTGGCCTTTTGCTCACATGTTCTT

TCCTGCGTTATCCCCTGATTCTGTGGATAACCGATTACCGCCTTTGAGTGAGCTGATAACCGC
TCGCCGCAGCCGAACGACCGAGCGCAGCGAGTCAGTGAGCGAGGAAGCGGAAGAGCGCCTGA
TGCGGTATTTTCTCCTTACGCATCTGTGCGGTATTTACACCGCATATGGTGC ACTCTCAGT
ACAATCTGCTCTGATGCCGCATAGTTAAGCCAGTATACACTCCGCTATCGCTACGTGACTGG
GTCATGGCTGCGCCCCGACACCCGCCAACACCCGCTGACGCGCCCTGACGGGCTTGTCTGCT
CCCGGCATCCGCTTACAGACAAGCTGTGACCGTCTCCGGGAGCTGCATGTGTCAGAGGTTTT
CACCGTCATCACCGAAACGCGCGAGGCAGGGGTACGTCGAGGTCGATCCAACCCCTCCGCTG
CTATAGTGCAGTCGGCTTCTGACGTT CAGTGCAGCCGTCTTCTGAAAACGACATGTGCGACA
AGTCCTAAGTTACGCGACAGGCTGCCGCCCTGCCCTTTTCTGGCGTTTTCTTGTCGCGTGT
TTTAGTCGCATAAAGTAGAATACTTGC GACTAGAACC GGAGACATTACGCCATGAACAAGAG
CGCCGCCGCTGGCCTGCTGGGCTATGCCCGCGTCAGCACCGACGACCAGGACTTGACCAACC
AACGGGCCGAACTGCACGCGGCCGGCTGCACCAAGCTGTTTTCCGAGAAGATCACCGGCACC
AGGCGCGACCGCCCGGAGCTGGCCAGGATGCTTGACCACCTACGCCCTGGCGACGTTGTGAC
AGTGACCAGGCTAGACCGCCTGGCCCCGAGCACCCGCGACCTACTGGACATTGCCGAGCGCA
TCCAGGAGGCCGCGCGGGCCTGCGTAGCCTGGCAGAGCCGTGGGCCGACACCACCACGCCG
GCCGGCCGCATGGTGTGACCGTGTTCGCCGGCATTGCCGAGTTCGAGCGTTCCTAATCAT
CGACCGCACCCGGAGCGGGCGCGAGGCCGCCAAGGCGCGAGGCGTGAAGTTTGGCCCCCGCC
CTACCCTCACCCCGGCACAGATCGCGCACGCCCGCGAGCTGATCGACCAGGAAGGCCGCACC
GTGAAAGAGGGCGGCTGCACTGCTTGGCGTGCATCGCTCGACCCTGTACCGCGCACTTGAGCG
CAGCGAGGAAGTGACGCCACCGAGGCCAGGCGGGCGGGTGCCTTCCGTGAGGACGCATTGA
CCGAGGCCGACGCCCTGGCGGCCGCCGAGAATGAACGCCAAGAGGAACAAGCATGAAACCGC
ACCAGGACGGCCAGGACGAACCGTTTTTTCATTACCGAAGAGATCGAGGCGGAGATGATCGCG
GCCGGGTACGTGTTTCGAGCCGCCCGCGCACGTCTCAACCGTGC GGCTGCATGAAATCCTGGC
CGGTTTTGTCTGATGCCAAGCTCGCGGCCTGGCCGGCGAGCTTGGCCGCTGAAGAAACCGAGC
GCCGCCGTCTAAAAAGGTGATGTGTATTTGAGTAAAACAGCTTGC GTCATGCGGTGCTGCG
TATATGATGCGATGAGTAAATAAACAAATACGCAAGGGGAACGCATGAAGGTTATCGCTGTA
CTTAACCAGAAAGGCGGGT CAGGCAAGACGACCATCGCAACCCATCTAGCCCGCGCCCTGCA
ACTCGCCGGGGCCGATGTTCTGT TAGTCGATTCCGATCCCAGGGCAGTCCCCGCGATTGGG
CGGCCGTGCGGGAAGATCAACCGCTAACCGTTGTTCGGCATCGACC GCCCGACGATTGACCGC
GACGTGAAGGCCATCGGCCGGCGCGACTTCGTAGTGATCGACGGAGCGCCCCAGGCGGCGGA
CTTGCTGTGTCCGCGATCAAGGCAGCCGACTTCGTGCTGATTCCGGTGCAGCCAAGCCCTT
ACGACATATGGGCCACCGCCGACCTGGTGGAGCTGGTTAAGCAGCGCATTGAGGTCACGGAT
GGAAGGCTACAAGCGGCCTTTGTCTGTGTCGCGGGCGATCAAAGGCACGCGCATCGGCGGTGA
GGTTGCCGAGGCGCTGGCCGGGTACGAGCTGCCCATCTTGAGTCCCGTATCACGCAGCGCG

TGAGCTACCCAGGCACTGCCGCCGCCGGCACAACCGTTCTTGAATCAGAACCCGAGGGCGAC
GCTGCCCCGCGAGGTCCAGGCGCTGGCCGCTGAAATTAAATCAAACCTCATTGAGTTAATGA
GGTAAAGAGAAAATGAGCAAAAGCACAAACACGCTAAGTGCCGGCCGTCCGAGCGCACGCAG
CAGCAAGGCTGCAACGTTGGCCAGCCTGGCAGACACGCCAGCCATGAAGCGGGTCAACTTTC
AGTTGCCGGCGGAGGATCACACCAAGCTGAAGATGTACGCGGTACGCCAAGGCAAGACCATT
ACCGAGCTGCTATCTGAATACATCGCGCAGCTACCAGAGTAAATGAGCAAATGAATAAATGA
GTAGATGAATTTTAGCGGCTAAAGGAGGCGGCATGGAAAATCAAGAACAACCAGGCACCGAC
GCCGTGGAATGCCCCATGTGTGGAGGAACGGGCGGTTGGCCAGGCGTAAGCGGCTGGGTTGT
CTGCCGGCCCTGCAATGGCACTGGAACCCCCAAGCCCGAGGAATCGGCGTGAGCGGTTCGCAA
ACCATCCGGCCCCGTTACAAATCGGCGCGGCGCTGGGTGATGACCTGGTGGAGAAGTTGAAGG
CGGCGCAGGCCCGCCAGCGGCAACGCATCGAGGCAGAAGCACGCCCCGGTGAATCGTGGCAA
GCGGCCGCTGATCGAATCCGCAAAGAATCCCGCAACCGCCGGCAGCCGGTGCGCCGTTCGAT
TAGGAAGCCGCCAAGGGCGACGAGCAACCAGATTTTTTTCGTTCCGATGCTCTATGACGTGG
GCACCCGCGATAGTCGCAGCATCATGGACGTGGCCGTTTTTCCGTCTGTTCGAAGCGTGACCGA
CGAGCTGGCGAGGTGATCCGCTACGAGCTTCCAGACGGGCACGTAGAGGTTTCCGCAGGGCC
GGCCGGCATGGCGAGTGTGTGGGATTACGACCTGGTACTGATGGCGGTTTTCCCATCTAACCG
AATCCATGAACCGATAACGGGAAGGGAAGGGAGACAAGCCCGCCGCGGTGTTCCGTCCACAC
GTTGCGGACGTACTCAAGTTCTGCCGGCGAGCCGATGGCGGAAAGCAGAAAGACGACCTGGT
AGAAACCTGCATTCGGTTAAACACCACGCACGTTGCCATGCAGCGTACGAAGAAGGCCAAGA
ACGGCCGCCTGGTGACGGTATCCGAGGGTGAAGCCTTGATTAGCCGCTACAAGATCGTAAAG
AGCGAAACCGGGCGGCCGGAGTACATCGAGATCGAGCTAGCTGATTGGATGTACCGCGAGAT
CACAGAAGGCAAGAACCCGGACGTGCTGACGGTTCACCCCGATTACTTTTTTGATCGATCCCG
GCATCGGCCGTTTTTCTCTACCGCCTGGCACGCCGCGCCGCAGGCAAGGCAGAAGCCAGATGG
TTGTTCAAGACGATCTACGAACGCAGTGGCAGCGCCGGAGAGTTCAAGAAGTTCTGTTTTAC
CGTGCGCAAGCTGATCGGGTCAAATGACCTGCCGGAGTACGATTTGAAGGAGGAGGCGGGGC
AGGCTGGCCCGATCCTAGTCATGCGCTACCGCAACCTGATCGAGGGCGAAGCATCCGCCGGT
TCCTAATGTACGGAGCAGATGCTAGGGCAAATTGCCCTAGCAGGGGAAAAAGGTCGAAAAGG
TCTCTTTCCTGTGGATAGCACGTACATTGGGAACCCAAAGCCGTACATTGGGAACCGGAACC
CGTACATTGGGAACCCAAAGCCGTACATTGGGAACCGGTCACACATGTAAGTGAAGTACTGATATA
AAAGAGAAAAAAGGCGATTTTTCCGCCTAAACTCTTTAAACTTATTAACCTCTTAAAC
CCGCCTGGCCTGTGCATAACTGTCTGGCCAGCGCACAGCCGAAGAGCTGCAAAAAGCGCCTA
CCCTTCGGTCGCTGCGCTCCCTACGCCCCGCGCTTCGCGTCGGCCTATCGCGGCCGCTGGC
CGCTCAAAAATGGCTGGCCTACGGCCAGGCAATCTACCAGGGCGCGGACAAGCCGCGCCGTC
GCCACTCGACCGCCGGCGCCCACATCAAGGCACCGGTGGGTATGCCGTGACGATGCGTGGAGA

CCGAAACCTTGCCTCGTTCGCCAGCCAGGACAGAAATGCCTCGACTTCGCTGCTGCCCAAG
 GTTGCCGGGTGACGCACACCGTGGAAACGGATGAAGGCACGAACCCAGTGGACATAAGCCTG
 TTCGGTTCGTAAGCTGTAATGCAAGTAGCGTATGCGCTCACGCAACTGGTCCAGAACCTTGA
 CCGAACGCAGCGGTGGTAACGGCGCAGTGGCGGTTTTTCATGGCTTGTTATGACTGTTTTTTT
 GGGGTACAGTCTATGCCTCGGGCATCCAAGCAGCAAGCGGTTACGCCGTGGGTGATGTTT
 GATGTTATGGAGCAGCAACGATGTTACGCAGCAGGGCAGTCGCCCTAAAACAAAGTTAAACA
 TCATGAGGGAAGCGGTGATCGCCGAAGTATCGACTCAACTATCAGAGGTAGTTGGCGTCATC
 GAGCGCCATCTCGAACCGACGTTGCTGGCCGTACATTTGTACGGCTCCGCAGTGGATGGCGG
 CCTGAAGCCACACAGTGATATTGATTTGCTGGTTACGGTGACCGTAAGGCTTGATGAAACAA
 CGCGGCGAGCTTTGATCAACGACCTTTTGGAACTTCGGCTTCCCCTGGAGAGAGCGAGATT
 CTCGCGCTGTAGAAGTACCATTGTTGTGCACGACGACATCATTCCGTGGCGTTATCCAGC
 TAAGCGGAACTGCAATTTGGAGAATGGCAGCGCAATGACATTTCTTGCAGGTATCTTCGAGC
 CAGCCACGATCGACATTGATCTGGCTATCTTGCTGACAAAAGCAAGAGAACATAGCGTTGCC
 TTGGTAGGTCCAGCGGCGGAGGAACTCTTTGATCCGGTTCTTGAACAGGATCTATTTGAGGC
 GCTAAATGAAACCTTAACGCTATGGAACTCGCCGCCGACTGGGCTGGCGATGAGCGAAATG
 TAGTGCTTACGTTGTCCCGCATTTGGTACAGCGCAGTAACCGGCAAAATCGCGCCGAAGGAT
 GTCGCTGCCGACTGGGCAATGGAGCGCCTGCCGGCCAGTATCAGCCCGTCATACTTGAAGC
 TAGACAGGCTTATCTTGGACAAGAAGAAGATCGCTTGGCCTCGCGCGCAGATCAGTTGGAAG
 AATTTGTCCACTACGTGAAAGGCGAGATCACCAAGGTAGTCGGCAAATAATGTCTAACAATT
 CGTTCAGCCGACGCCGCTTCGCGGCGCGGCTTAACTCAAGCGTTAGATGACTAAGCACAT
 AATTGCTCACAGCCAACTATCAGGTCAAGTCTGCTTTTATTATTTTTAAGCGTGCATAATA
 AGCCCTACACAAATTGGGAGATATATCATGAAAGGCTGGCTTTTTCTTGTATCGCAATAGT
 TGGCGAAGTAATCGCAACATAGCTTGCTTGGTCGTTCCGCGTGAACGTCGGCTCGATTGTAC
 CTGCGTTCAAATACTTTGCGATCGTGTGCGCGCCTGCCCGGTGCGTCGGCTGATCTCACGG
 ATCGACTGCTTCTCTCGCAACGCCATCCGACGGATGATGTTTAAAAGTCCCATGTGGATCAC
 TCCGTTGCCCCGTCGCTCACCGTGTGGGGGGAAGGTGCACATGGCTCAGTTCTCAATGGAA
 ATTATCTGCCTAACCGGCTCAGTTCTGCGTAGAAACCAACATGCAAGCTCCACCGGGTGCAA
 AGCGGCAGCGGC

Sequências de Polifenol Oxidases (PPO) encontradas em Cana-de-açúcar, variedade SP80-3280. Genoma - BioProject: PRJNA431722.

ShPPO01-QPEU01139211.1-*Saccharum hybridum* variedade SP80-3280

>QPEU01139211.1 variedade SP80-3280 [DNA]

ATGCCTGAAAGCTTTAGGCGCGAAGCAAAGTATATACTCCGTGTCTGGGCTATGGCAGGTAG
 CAACGGCCCTCTGCTGCTCGCATTACGCATCGTCTCTTCTGCGCCCTCGCCTCTGCGGCCA
 CCACCTTGCTCCCTCTCGTCACAAGACCATGCGCCTACTCCCTGCCAAGAACCATCCTCGCC
 GCCACCGGCCTCGACCCTCACCTCATCTCCTGCGCCGACGACGGCTCCAAATCCAATGCCCA
 CCTGTTCGGAAGGCGACGGAGGCAACAAGCCCCGCAGCGGGCGGAGGCCCATAGTCACCGACC
 TGCTGTCTGTGCGGGGAGCCCCGACCTCCCATCCCACGCGCTCCCGCCGTTCCGCTGCTGCCCG
 CCGGCGCCGGCGTCCGACGCTCCCGTCGCCAACTTCACGTTCCCGACCCAGGCGAGCCGCT
 CCGGACGCGGGCGGCCGCGCACAAGCCCGGACGGACAGCGTAGCCCGGTACGCGCGCGCGG
 TGGCACTGATGAAGGCGCTGCCGGAGTCAGACCCGCGCAGCTTCTACCAGCAGGCTAACGTC
 CACTGCGCCTACTGCGCCGCGGCGTACCGGCAGGCGGGGCGGCCGGAGCTGCCCGTGCAGAT
 CCACTACTCGTGGCTCTTCTTCCCGTTCACCCGCGCCTACCTCTACTTCTTCGAGCGCGTCG
 CGGCGAGGCTCCTGGGCGACCCCGGCTTCGCCGTGCCGTTCGAGCTGGGACGTGCCCGAG
 GGGATGCGGGTGCCGCCGGAGTTCGCCGACGTGCGGTCCCGCTCTACGACCCGATGAGGAA
 CCCGGAGCACGCGCCCGGAGACTCGTGGACCTCGACTTCTCGTACGTGGACAAGAATTGCA
 CCGACGAGCAGAAATCCAGCTCAACCTCCGCATCATGAATAAACAGATGGTCACCAACGCG
 CCGCTGCCGTCCCTCTTCCACGGGACGCCCTACCGCGCCGGCGACCGGGGGATGCCCGGTGC
 AGGAACGGTGAGCTGAGCCGCGACAACATAGTCCACCGATGGTCCGGCCACCTCTCGCGGG
 CCAACCACGAGAACATGGGCGCCTACTACTCCTCCGCCCGCGACCCCATCTTCTACCCGCAC
 CACGCCAACTCGGACCGCCTCTGGGAGGTCTGGCGCGGCGTCGGCGGGCGCCACGCGGACTT
 CACGGACCCCGACTGGCTCGACTCGTTCGTTCCTGTTCTACGACGGGGACGCGCGGCTCGTGC
 GAGTCACCGTCCGCGACATGCTCGACGTGCGGAGGCTCCGGTACGCTTACGCCGAGGTCCGGC
 CTGCCGTGGCTCAGCGCGCGGCCGCCCATCGTCACCCCTGACGGCGACGTGAACCGCGCAAG
 AGGCCAGCTGCCGCACCTGAAGTCCGTCCGTTCCCGGTGTCTCTCGATGCCGCGGTGACCG
 CGGAGGTGAGCCGGCGGCCCGGAAAGCCACGAAGCCAGTGGGAGGAGGTGCTGGTGGTTCGAG
 GGCATCGAGGCGGACGGCGCGGGCTTCGTCAAGTTCGACGTGTACGTGAACGCAGTGGATCA
 CGAGAAGGTTCGCCCCCGGCGGTCCGGAGATGGCTGGAAGCTTCGTGTCCCTGAAGCACCCCG
 GCAAGGTGGTGGTGCAGACCAGCATGAGGGTGGCGCTGAACGAGCTGCTGCAGGACCTGGGC
 GCCGAGGGAGACGACAGCGTACGGTACGTTGGTGCCTGGAGGGGAGGGTTCAGGATCGG
 AGGCTGAGGATAGCGTACATGGCGGAGTGA

Conserved domains on [lcl|seqsig_ATGCC_c1104eed833c6c22162011438be1ceee]

Local query sequence

Graphical summary Zoom to residue level [show extra options](#)

RF #1

Specific hits

Superfamilies

Tyrosinase
Tyrosinase superfamily

PP01_DWL
PP01_DWL superfamily

PP01_KFDV
PP01_KFDV superfamily

Search for similar domain architectures Refine search

| # | Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|-----|------------|-----------|---|-----------|----------|
| [H] | PP01_KFDV | pfam12143 | Protein of unknown function (DUF_B2219); This domain family is found in eukaryotes, and is ... | 1396-1755 | 5.12e-39 |
| [H] | Tyrosinase | pfam00264 | Common central domain of tyrosinase; This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 529-1152 | 3.29e-33 |
| [H] | PP01_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain; This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 1174-1329 | 9.43e-25 |

>QPEU01139211.1 variedade SP80-3280 [CDS]

ATGCCTGAAAGCTTTAGGCGCGAAGCAAAGTATATACTCCGTGTCTGGGCTATGGCAGGTAG
 CAACGGCCCTCTGCTGCTCGCATTACGCATCGTCTCTTCTGCGCCCTCGCCTCTGCGGCCA
 CCACCTTGCTCCCTCTCGTCACAAGACCATGCGCCTACTCCCTGCCAAGAACCATCCTCGCC
 GCCACCGGCCTCGACCCTCACCTCATCTCCTGCGCCGACGACGGCTCCAAATCCAATGCCCA
 CCTGTTCGGAAGGCGACGGAGGCAACAAGCCCCGCAGCGGGCGGAGGCCCATAGTCACCGACC
 TGCTGTCTGTGCGGGGAGCCCCGACCTCCCATCCCACGCGCTCCCGCCGTTCCGCTGCTGCCCG
 CCGGCGCCGGCGTCCGACGCTCCCGTCGCCAACTTCACGTTCCCGACCCAGGCGAGCCGCT
 CCGGACGCGGGCGGCCGCGCACAAGCCCGGACGGACAGCGTAGCCCGGTACGCGCGCGCGG
 TGGCACTGATGAAGGCGCTGCCGGAGTCAGACCCGCGCAGCTTCTACCAGCAGGCTAACGTC

CACTGCGCCTACTGCGCCGCGGCGTACCGGCAGGCGGGCGGCCGGAGCTGCCCGTGCAGAT
 CCACTACTCGTGGCTCTTCTTCCCGTTCCACCGCGCCTACCTCTACTTCTTCGAGCGCGTCCG
 CGGCGAGGCTCCTGGGCGACCCCGGCTTCGCCGTGCCGTTCTGGAGCTGGGACGTGCCCGAG
 GGGATGCGGGTGCCGCGGAGTTCGCCGACGTCCGCTCCCGCTCTACGACCCGATGAGGAA
 CCCGGAGCACGCGCCCGGAGACTCGTGGACCTCGACTTCTCGTACGTGGACAAGAATTGCA
 CCGACGAGCAGCAAATCCAGCTCAACCTCCGCATCATGAATAAACAGATGGTCACCAACGCG
 CCGCTGCCGTCCCTCTTCCACGGGCAGCCCTACCGCGCCGGCGACCGGGGGATGCCCGGTGC
 AGGAACGGTGGAGCTGAGCCCGCACAAACATAGTCCACCGATGGTCCGGCCACCTCTCGCGGG
 CCAACCACGAGAACATGGGCGCCTACTACTCCTCCGCCCGCGACCCCATCTTCTACCCGCAC
 CACGCCAACTCGGACCGCCTCTGGGAGGTCTGGCGCGGGCTCGGCGGCGGCCACGCGGACTT
 CACGGACCCCGACTGGCTCGACTCGTTCGTTCTTCTACGACGGGGACGCGCGGCTCGTGC
 GAGTCACCGTCCGCGACATGCTCGACGTCCGGAGGCTCCGGTACGCTTACGCCGAGGTCCGC
 CTGCCGTGGCTCAGCGCGCGGCCGCCCATCGTCACCCCTGACGGCGACGTGAACCGCGCAAG
 AGGCCAGCTGCCGCACCTGAAGTCCGTCCGTTCCCGGTGTCTCTCGATGCCGCGGTGACCG
 CGGAGGTGAGCCGGCGGCCCGGAAAGCCACGAAGCCAGTGGGAGGAGGTGCTGGTGGTTCGAG
 GGCATCGAGGCCGACGCGCGGGCTTCGTCAAGTTCGACGTGTACGTGAACGCAGTGGATCA
 CGAGAAGGTTCGGCCCCGGCGGTTCGGGAGATGGCTGGAAGCTTCGTGTCCCTGAAGCACCCCG
 GCAAGGTGGTGGTGCAGACCAGCATGAGGGTGGCGCTGAACGAGCTGCTGCAGGACCTGGGC
 GCCGAGGGAGACGACAGCGTCACGGTGACGTTGGTGCCCGTGGAGGGGAGGGTTCAGGATCGG
 AGGCTGAGGATAGCGTACATGGCGGAGTGA

Open Reading Frame Viewer



>QPEU01139211.1_Fujian variedade SP80-3280 [AA]

MPESFRREAKYILRVWAMAGSNGPLLLALRIVLFCALASAATLLPLVTRPCAYSLPRTILA
 ATGLDPHLISCADDGSKSNAHLSEGDDGNKPRSGGRPIVTDLLSCGEPDLP SHALPPFRCCP
 PAPASDAPVANFTFPDPGEPLRTRRPAHKPGTDSVARYARAVALMKALPESDPRSFYQQANV
 HCAYCAAAYRQAGRPELPVQIHYSWLFFPFHRAYLFFFERVAARLLGDPGFAVPFWSWDVPE
 GMRVPPFEFADVASPLYDPMRNPEHAPRLVDLDFSYVDKNCTDEQQIQLNLRIMNKQMVNTA
 PLPSLFHGQPYRAGDRGMPGAGTVELSPHNIVHRWSGHL SRANHENMGAYYSSARDPIFYPH
 HANSDRLEWVWRGVGGHADFTDPDWLDSSFLFYDGDARLVRVTVRDMLDVGRRLRYAYAEVG
 LPWLSARPPIVTPDGDVNRARGQLPHLKSVRFPVSLDAAVTAEVSRRP GKPRSQWEEVLVE
 GIEADGAGFVKFDVYVNAV DHEKVGPGGREGMAGSFVSLKHPGKVVVQTSMRVALNELLDLG
 AEGDSSVTVTLVPVEGRVRI GGLRIAYMAE*

NCBI Conserved Domains

tyrosinase family protein (domain architecture ID 10447092)
 tyrosinase family protein similar to chloroplastic polyphenol oxidase, chloroplastic (+)-larreatricin hydroxylase, and aureusidin synthase

Graphical summary

Query seq. Specific hits Superfamilies

List of domain hits

| # | Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|-----|------------|-----------|---|----------|----------|
| [H] | PP01_KFDV | pfam12143 | Protein of unknown function (DUF_B2219); This domain family is found in eukaryotes, and is ... | 456-585 | 2.85e-40 |
| [H] | Tyrosinase | pfam00264 | Common central domain of tyrosinase; This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 177-384 | 3.13e-33 |
| [H] | PP01_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain; This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 392-443 | 1.05e-25 |

ShPPO2-QPEU01138826.1-Saccharum hybridum variedade SP80-3280

>QPEU01138826.1 variedade SP80-3280 [DNA]

```

ATGCCTGAAAGATTTAGGCGCGAAGCAAAGTATATACTCCGTGTCTGGGCTATGGCAGGTAG
CAACGGCCCTCTGCTGCTCGCATTACGCATCGTCCTCTTCTGCGCCCTCGCTTCTGCGGCCA
CCACCTTGCTCCCTCTCGTCACAAGACCATGCGCCTACTCCCTGCCAAGAACCATCCTCGCC
GCCACCGGCTCGACCCTCACCCATCTCTGCGCCGACGACGGCTCCAAGTCCAATGCCCA
CCTGTGCGGAAGGCGACGGAGGCAACAAACCCCGCAGCGGGCAGGCCCATAGTCACCGACC
TGCTGTGCTGCGGGGAGCCCGACCTCCCATCCCACGCGCTCCCGCCGTTCCGCTGCTGCCCG
CCGACGCCGTGCTCCGACGCTCCCGTACCAACTTCACGTTCCCGACCCAGGCGAGCCGCT
CCGGACGCGGGCGGCCGCGCACGAGCCCAGCACGGACAGCGTAGCCCGGTACGCGCGCGCGG
TGGCGCTGATGAAAGCGCTGCCGGAGTCGGACCCACGCAGCTTCTACCAGCAGGCCAACGTC
CACTGCGCCTACTGCGCCGCGGCGTACCGGCAGGCGGGGCGGCCGGAGCTGCCCGTGCAGAT
CCACTACTCGTGGCTCTTCTTCCCGTTCCACCGCGCCTACCTTACTTCTTCGAGCGCGTCCG
CGGCGAGGCTCCTGGGCGACCCCGGCTTCGCCGTGCCGTTCTGGAGCTGGGACGTGCCCGGAG
GGAATGCGGGTGCCGCCGGAGTTACCGACGTCGCGTCCCGCTCTACGACCCGATGAGGAA
CCCGGAGCACGCGCCCGGAGACTCGTGGACCTCGACTTCTCGTACGTGGACAAGAATTGCA
CCGACGAGCAGAAATCCAGCTCAACCTCCGCATCATGTATAAACAGATGGTCACCAACGCG
CCGCTGCCGTCCCTCTTCCACGGGCGAGCCCTACCGCGCCGGCGACCCGGGGGATGCCCGGTGC
AGGAACGGTGGAGCTGAGCCCGCACAAACATAGTCCACCGATGGTCCGGCGACCTCTCGCGGG
CCAACCACGAGAACATGGGCGCCTACTACTCCTCCGCCCGGACCCCATCTTCTACCCGCAC
CACGCCAACTCGGACCTCCTCTGGGAGGTCTGGCGCGGCGTCCGGCGGCGCCACGCGGACTT
CACGGACCCCGACTGGCTCGACTCGTGCACGAGGACGCGCGGCTCGTGCAGATCACCGTCC
GCGACATGCTCGACGTCGGGAGGCTCCGGTACGCGTACGCCGAGGTCGGCCTGCCGTGGCTC
AGCGCGCGGCCGCCCATCGTACCCCTGACGGCGACGTGAACCGCGGAAGAGGCGGCCCGAC
GCACCTGAAGTCCGTCCGCTTCCCGGTGTCGCTCGATGCCGCGGTGACC GCGGAGGTGAGCC
GGCGGCCGGGAAAGCCACGAGGGCAGTGGGAGGAGGTGCTGGTGGTTCGAGGGCATCGAGGCG
GACGGCGCGGGCTTCGTCAAGTTCGACGTGTACGTGAACACAGTGGATTACGAGAAGGTCCG
CCCCGGCGGTCCGGAGATGGCTGGAAGCTTCGTGTCCCTGAAGCACCCCGGCAAGGTGGTGG
TGCAGACCAGCATGAGTGTGGCGCTGAACGAGATTCTGGAGGATCTAGGCGCCGCTGGAGAC
GACAGCGTCACGGTGACGTTGGTGCCCGTGGAGGGTAGGGTCAGGATCGGAGGCCCTGAGGAT
AGCGTACATGGCGGAGTGA

```

NCBI

Conserved Domains

HOME SEARCH GUIDE NewSearch Structure Home 3D Macromolecular Structures Conserved Domains Pubchem BioSystems

Conserved domains on [lcl|seqsig_ATGCC_765eaf6d5685de6bfb67db33d3b3e4ba] View Concise Results

Local query sequence

Graphical summary Zoom to residue level show extra options

RF #1

Specific hits

Superfamilies

Tyrosinase superfamily

PP01_DWL superfamily

PP01_KFDV superfamily

Search for similar domain architectures Refine search

List of domain hits

| # | Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|---|------------|-----------|---|-----------|----------|
| 1 | PP01_KFDV | pfam12143 | Protein of unknown function (DUF_82219); This domain family is found in eukaryotes, and is ... | 1384-1743 | 1.53e-36 |
| 2 | Tyrosinase | pfam00264 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 529-1152 | 7.24e-32 |
| 3 | PP01_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain; This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 1174-1317 | 1.92e-19 |

>QPEU01138826.1 variedade SP80-3280 [CDS]

```

ATGCCTGAAAGATTTAGGCGCGAAGCAAAGTATATACTCCGTGTCTGGGCTATGGCAGGTAG
CAACGGCCCTCTGCTGCTCGCATTACGCATCGTCCTCTTCTGCGCCCTCGCTTCTGCGGCCA
CCACCTTGCTCCCTCTCGTCACAAGACCATGCGCCTACTCCCTGCCAAGAACCATCCTCGCC

```

```

GCCACCGGCTCGACCCTCACCCATCTCCTGCGCCGACGACGGCTCCAAGTCCAATGCCCA
CCTGTTCGGAAGGCGACGGAGGCAACAAACCCCGCAGCGGCGGAGGCCATAGTCACCGACC
TGCTGTCGTGCGGCGAGCCCGACCTCCCATCCCACGCGCTCCCGCCGTTCCGCTGCTGCCCG
CCGACGCCGTGTCGACGCTCCCGTCACCAACTTCACGTTCCCCGACCCAGGCGAGCCGCT
CCGACGCGGGCGCCGGCGCACGAGCCCAGCACGGACAGCGTAGCCCGGTACGCGCGCGCGG
TGGCGCTGATGAAAGCGCTGCCGGAGTCGGACCCACGCAGCTTCTACCAGCAGGCCAACGTC
CACTGCGCCTACTGCGCCGCGGCGTACCGGCAGGCGGGGCGGCCGGAGCTGCCCGTGCAGAT
CCACTACTCGTGGCTCTTCTTCCCGTTCCACCGCGCCTACCTCTACTTCTTCGAGCGCGTCCG
CGGCGAGGCTCCTGGGCGACCCCGGCTTCGCCGTGCCGTTCTGGAGCTGGGACGTGCCGGAG
GGAATGCGGGTGCCGCCGGAGTTCACCGACGTCGCGTCCCGCTCTACGACCCGATGAGGAA
CCCGGAGCACGCGCCGCGAGACTCGTGGACCTCGACTTCTCGTACGTGGACAAGAATTGCA
CCGACGAGCAGCAAATCCAGCTCAACCTCCGCATCATGTATAAACAGATGGTCACCAACGCG
CCGCTGCCGTCCCTCTTCCACGGGCAGCCCTACCGCGCCGGCGACCCGGGGGATGCCCGGTGC
AGGAACGGTGGAGCTGAGCCCGCACAAACATAGTCCACCGATGGTCCGGCGACCTCTCGCGGG
CCAACCACGAGAACATGGGCGCCTACTACTCCTCCGCCCGGACCCCATCTTCTACCCGCAC
CACGCCAACTCGGACCTCCTCTGGGAGGTCTGGCGCGGCGTCGGCGGCGGCCACGCGGACTT
CACGGACCCCGACTGGCTCGACTCGTGCAGCAGGACGCGCGGCTCGTGCAGTACACCGTCC
GCGACATGCTCGACGTCGGGAGGCTCCGGTACGCGTACGCCGAGGTCCGCCTGCCGTGGCTC
AGCGCGCGGCCGCCATCGTCACCCCTGACGGCGACGTGAACCGCGGAAGAGGCGGCCCGAC
GCACCTGAAGTCCGTCCGCTTCCCGGTGTCGCTCGATGCCGCGGTGACCGCGGAGGTGAGCC
GGCGGCCGGGAAAGCCACGAGGGCAGTGGGAGGAGGTGCTGGTGGTTCGAGGGCATCGAGGCG
GACGGCGCGGGCTTCGTCAAGTTCGACGTGTACGTGAACACAGTGGATTACGAGAAGGTCCG
CCCCGGCGGTTCGGGAGATGGCTGGAAGCTTCGTGTCCCTGAAGCACCCCGGCAAGGTGGTGG
TGCAGACCAGCATGAGTGTGGCGCTGAACGAGATTCTGGAGGATCTAGGCGCCGCTGGAGAC
GACAGCGTCACGGTGACGTTGGTGCCTGGAGGGTAGGGTCAGGATCGGAGGCCTGAGGAT
AGCGTACATGGCGGAGTGA

```

Open Reading Frame Viewer

Sequence



>QPEU01138826.1_Fujian varietade SP80-3280 [AA]

```

MPERFRREAKYILRVWAMAGSNGPLLLALRIVLFCALASAATTLPLVTRPCAYSLPRTILA
ATGLDPHPISCADDGSKSNAHLSEGDDGNKPRSGRPIVTDLLSCGEPDLP SHALPPFRCCP
PTPSSDAPVTNFTFPDPGEPLRTRRPAHEPSTDSVARYARAVALMKALPESDPRS FYQQANV
HCAYCAAAYRQAGRPELPVQIHYSWLFPPFHRA YLYFFERVAARLLGDPGFAVPFWSWDVPE
GMRVPPEFTDVASPLYDPMRNPEHAPRRLVDLDFS YVDKNCTDEQQIQLNLRIMYKQMV TNA
PLPSLFHGQPYRAGDRGMPGAGTVELSPHNIVHRWSGDL SRANHENMGAYYSSARDPIFYPH
HANDLLWEVWRGVGGGHADFTDPDWL DSCDEDARLVRVTVRDMLDVGR LRYAYAEVGLPWL
SARPPIVTPDGDVNRGRGGP THLKSVRFPVSLDAAVTA EVSRRPGKPRGQWEEVLVVEGIEA
DGAGFVKFDVYVNTVDYEKVGPGG REMAGSFVSLKHPGKVVVQTSMS VALNEILEDLGAAGD
DSVTVTLPVPEGRVIRIGGLRIAYMAE*

```


NCBI

Conserved Domains

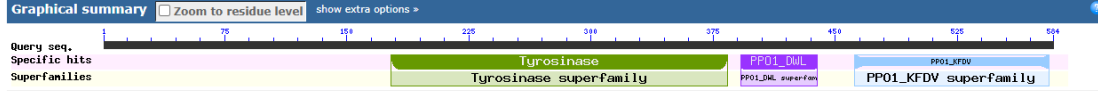
Conserved domains on [lcl|seqsig_MPERF_bbd0c7e98bc2bc24e3b1f1b1fe667d9]

Local query sequence

Protein Classification

tyrosinase family protein (domain architecture ID 10447092)
 tyrosinase family protein similar to chloroplastic polyphenol oxidase, chloroplastic (+)-larreatricin hydroxylase, and aureusidin synthase

Graphical summary Zoom to residue level [show extra options >](#)

Query seq. 

Specific hits

Superfamilies

[Search for similar domain architectures](#) [Refine search](#)

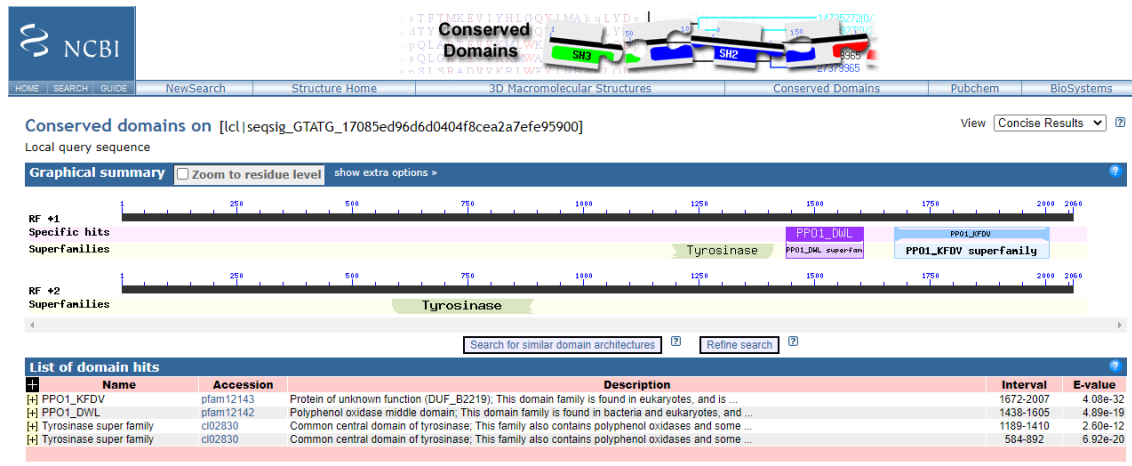
| Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|------------|-----------|---|----------|----------|
| PPO1_KFDV | pfam12143 | Protein of unknown function (DUF_B2219); This domain family is found in eukaryotes, and is ... | 462-581 | 7.54e-38 |
| Tyrosinase | pfam00264 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 177-384 | 7.24e-32 |
| PPO1_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain. This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 392-439 | 3.11e-20 |

ShPPO3-QPEU01110527.1-Saccharum hybridum variedade SP80-3280

>QPEU01110527.1 variedade SP80-3280 [DNA]

ATGTATGCCACGCAGTGCACACTTCCACTATATATACTGGCTTTGGGCATGGATGGATGTG
 TGTGGCAACGTCCAAATCCAGACCACTGCTATCTCGTAGTCTCGTAGACATGAACGGCTCCA
 TGGCGAGCGCCTGCGCCACCTCCAGCCCCCTCGTCTCGGCGCCCTCTGCATGCCCGTCCAAG
 AAGACCGCCGCTGCCAGGTTCCGGCGCCGCACGGTGTCTGTCAGGGCCACCGGCGGCGGCAG
 CGGCCGGGGCGACAATGACGACCTCCTCTGGCTGCCTCGGCGCGACGCGATGCTCAACGGCC
 TGTCCGGTGTGCGCCGCGGGCTGGCCTGGTACCCGGGCTCGCGGATGCTGCCGAGTGCACC
 CGGGCCGACAAGGTGAACGAGAACACCGTGCAGTGCACGGACACGGAAGGGGTGTTGCCGTG
 CCCTCTGGTGTGCGGCGACGGCTCCCCTGGTGGACTTCAAGCCGGAGGGCAAGGTGACGCGCT
 TCCGGCAGCCGGTGCATCTCCTGAGCCGGGAATACCAGGAGAAGTACAAGGAGGCCCTCTCG
 AAGATGAAGGCGCTGCCGGAGTGAACCCGCTGAGCTTCAAGGCGCAGGCGGCCATCCACCA
 GGCCTACTGCGACAGCTACTACAGCTACCACCGGTGCTCGGCGGCGAAGGACGACGTGGACC
 CAGCGTTCGACGTGCACTTCTCGTGGATCTTCGCGCCGTGGCACCGCATGTACATCTACTTC
 TACGAGCGCGCCCTCGGGCAGCTCATCGGCGACGACACCTTCGCGCTGCCGTTCTGGAAGT
 GGACGCCCCCGCCGGCATGGTGGTGCCGCTCTCTTCAGCGAGGGCTCCACGGCCAGCAACC
 CGCTGTACGACGCCAACCAGGACCCGGCGAACCTCGACGCGCTGATCGACCTAGACTACCTC
 AACGACCAGGATGCGGAGCCATCCCTTTCAAGGGCCCAAAGGACGAAAATAACAAGAACT
 TGTTAAACAAGAACCTGAGCACCGTATAACAACAGGTGTGTACATGTACACAGACATAACATAC
 GTACTCCGCCGCGTACAGTATGCTGTATGTGAGCTAACCACATTTTCGCTTCATTTTCACAGC
 AAGTAGGTAAGGGCGCGGAGTCGTTTCTGGGCGAGAAGTACTGCACCGACCTCGGGTCAAGC
 ACGAGCAGCGCGGGTTCGCTGGAGCAGATGGCGCACACCGCCGTGCACGTCTGGGTGCGCAA
 GGCGGGGCGGACGCTGCGACGGCGACTTGGCGGAAGCTTCCGGCGGGGTCCCGAACCCT
 CCTCAGGCGGGTACAACCTGCAACAACGACATGGGGTTTCTGGGGTTCGGCGGGGAACGATCCG
 CTCTTCTACTCGCACCCTCCAACGTGGACCGCATGTGGCACCTCTGGTCCACCAGGCTCGG
 CGGCGGGCAGGGCATCACGGACACGGACTGGCTGGACGCCAGCTTCGTCTTCTACGACGACG
 TCGAGAGCCCCGGAAGGTCCGCATCAGGTTCCGCGACGTCCTGGACACGCGCGACCTCGGC
 TACACGTACGACGCCGAGGCCGACAAGGACCTGCCGTGGCTGCGCCCCAAGATCACGTGCGCT
 GGTGCCCCACGGCACGGACAGCGGCGGACGACGGCGAGGTCGTCGGCGGCGGCGCCGGTGT
 TCCCGCTCGCCCTGACCAAGGGCCAGGTAGTGGAGGTGCCGGCCGTAGCTGTGCCGGCCAGG
 GAGGCGGGGAAGGAGCAGCTGCTGGTGATCGACGGCATCGAGTTCGACCCCCAGGCGAACAA
 CAAGTTCGACGTGCGCATCAACGTGCCCGCGGACAAGGCATTGCTGGTGGGGCCGCAGTACA
 AGGAGTACGCCGGGAGCTTCGCCGTGCTGCCGGGCTCCGGCGCCGGCGGGACGCGGAAGGGG
 AAGGTCTCCCTCTGCATCACCGACGTGCTGTACGATCTCGACTCTGAGGACGATAGCAGCGT

CGACGTCGTAATCGTGCCGCGCACAGCTGCCAAGGTGACGCTCAACGTTGCCCCACCATCA
AGAATCGAAACTAG



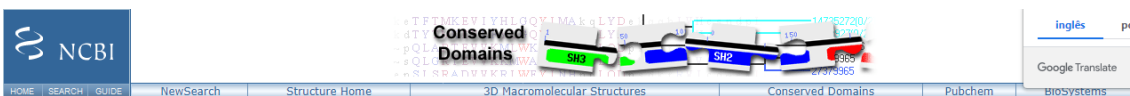
>QPEU01110527.1 variedade SP80-3280 [CDS]

ATGTATGCCACGCAGTGCACACTTCCACTATATACTGGCTTTGGGCATGGATGGATGTG
TGTGGCAACGTCCAAATCCAGACCCTGCTATCTCGTAGTCTCGTAGACATGAACGGCTCCA
TGGCGAGCGCCTGCGCCACCTCCAGCCCCCTCGTCTCGGCGCCCTCTGCATGCCCGTCCAAG
AAGACCGCCGCTGCCAGGTTCCGGCGCCGCACGGTGTCTGTCGAGGGCCACCGGCGGCGGCAG
CGGCCGGGGCGACAATGACGACCTCCTCTGGCTGCCTCGGCGCGACGCGATGCTCAACGGCC
TGTCCGGTGTGCGCGCCGGGCTGGCCTGGTACCCGGGCTCGCGGATGCTGCCGAGTGCACC
CGGGCCGACAAGGTGAACGAGAACCCTGTCAGTGCACGGACACGGAAGGGGTGTTGCCGTG
CCCTCTGGTGTGCGGCGACGGCTCCCGTGGTGGACTTCAAGCCGGAGGGCAAGGTGACGCGCT
TCCGGCAGCCGGTGCATCTCCTGAGCCGGGAATACCAGGAGAAGTACAAGGAGGCCCTCTCG
AAGATGAAGGCGCTGCCGGAGTGAACCCGCTGAGCTTCAAGGCGCAGGCGGCCATCCACCA
GGCCTACTGCGACAGCTACTACAGCTACCACCGGTCGTGCGCGGCGAAGGACGACGTGGACC
CAGCGTTCGACGTGCACTTCTCGTGGATCTTCGCGCCGTGGCACCGCATGTACATCTACTTC
TACGAGCGCGCCCTCGGGCAGCTCATCGGCGACGACACCTTCGCGCTGCCGTTCTGGAAC TG
GGACGCCCCCGCCGGCATGGTGGTGCCGCTCTCTTCAGCGAGGGCTCCACGGCCAGCAACC
CGCTGTACGACGCCAACCAGGACCCGCGCAACCTCGACGCGCTGATCGACCTAGACTACCTC
AACGACCAGGATGCGGAGCCCATCCCTTTCAAGGGCCAAAGGACGAAAAATACAAGAACT
TGTTAACAAGAACCTGAGCACCGTATAACAACCAGGTGTGTACATGTACACAGACATACATAC
GTACTCCGCCGCGTACAGTATGCTGTATGATGGCGCACACCGCCGTGCACGTCTGGGTGGC
AAGGCGGGGCGGACGCTGCGACGGGACTTGGCGGAAGCTTCCGGCGGCGTCCCGAACCA
CTCCTCAGGCGGGTACAACGCAACAACGACATGGGGTTCTGGGGTTCGGCGGGGAACGATC
CGCTCTTCTACTCGCACCCTCCAACGTGGACCGCATGTGGCACCTCTGGTCCACCAGGCTC
GGCGGCGGGCAGGGCATCACGGACACGGACTGGCTGGACGCCAGCTTCGTCTTCTACGACGA
CGTCGAGAGCCCGCGGAAGGTCCGCATCAGGTTCCGCGACGTCTGGACACGCGCGACCTCG
GCTACACGTACGACGCCGAGGCCGACAAGGACCTGCCGTGGCTGCGCCCCAAGATCACGTGCG
CTGGTGGCCACGGCACGGACAGCGGCGGACGACGGCGAGGTCGTGCGCGGCGGCGCCGGT
GTTCCCGCTCGCCCTGACCAAGGGCCAGGTAGTGGAGGTGCCGGCCGTAGCTGTGCCGGCCA
GGGAGGCGGGGAAGGAGCAGCTGCTGGTGAATCGACGGCATCGAGTTCGACCCCCAGGCGAAC
ACAAGTTCGACGTGCCATCAACGTGCCGCGGACAAGGCATTGCTGGTGGGGCCGCAGTA
CAAGGAGTACCGGGGAGCTTCGCCGTCGTGCCGGGCTCCGGCGCCGGCGGGACGCGGAAGG
GGAAGGTCTCCCTCTGCATCACCGACGTGCTGTACGATCTCGACTCTGAGGACGATAGCAGC
GTCGACGTGTAATCGTGCCGCGCACAGCTGCCAAGGTGACGCTCAACGTTGCCCCACCAT
CAAGAATCGAAACTAG



>QPEU01110527.1_Fujian variedade SP80-3280 [AA]

MYAHAVHTSTIYTGFGHGWMCVATSKSRPLLSRSLVDMNGSMASACATSSPLVVSAPSACPSK
 KTAAARFRRRTVSCRATGGGSGRGDNDLLWLPRRDAMLNGLSGVAAGLAWYPGLADAAECT
 RADKVNENTVQCTDTEGVLPCLVVSATAPVVDVDFKPEGKVTFRFRQPVHLLSREYQEKYKEALS
 KMKALPESNPLSFKAQAAIHQAYCDSYYSYHRSSAAKDDVDPAFDVHFSWI FAPWHRMYIYF
 YERALGQLIGDDTFALPFWNWDAPAGMVVPLFSEGSTASNPLYDANRNPANLDALIDLIDYL
 NDQDAEPIPFKGPKEKYKKLVNKNLSTVYNQVCTCTQTYIRTPPRTVCCMMAHTAVHVWVG
 KAGPTPATATCGEASGGVPNHSSGGYNCNNDMGFLGSAGNDPLFYSHHSNVDRMHWHLWSTRL
 GGGQGITDLDWLDASFVYDDVESPRKVRIRFRDVLDRDLGYTYDAEADKDLPLWRPKITS
 LVPHGTDSGATTARSSAAAPVFPLALTKGQVVEVPAVAVPAREAGKEQLLVIDGIEFDPQAN
 NKFDVAINVPADKALLVGPQYKEYAGSFAVVPVPGSGAGGTRKGGKVS LCITDVLVDLSEDDSS
 VDVVIVPRTAAKVTLNVRPTIKNRN*



Conserved domains on [lcl|seqsig_MYAHA_5befa0bfff0553189333b794843b3d9e]

View **Concise Results**

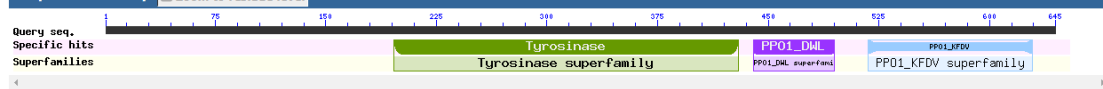
Local query sequence

Protein Classification

tyrosinase family protein (domain architecture ID 10447092)

tyrosinase family protein similar to chloroplastic polyphenol oxidase, chloroplastic (+)-larreatricin hydroxylase, and aureusidin synthase

Graphical summary Zoom to residue level [show extra options](#)



List of domain hits

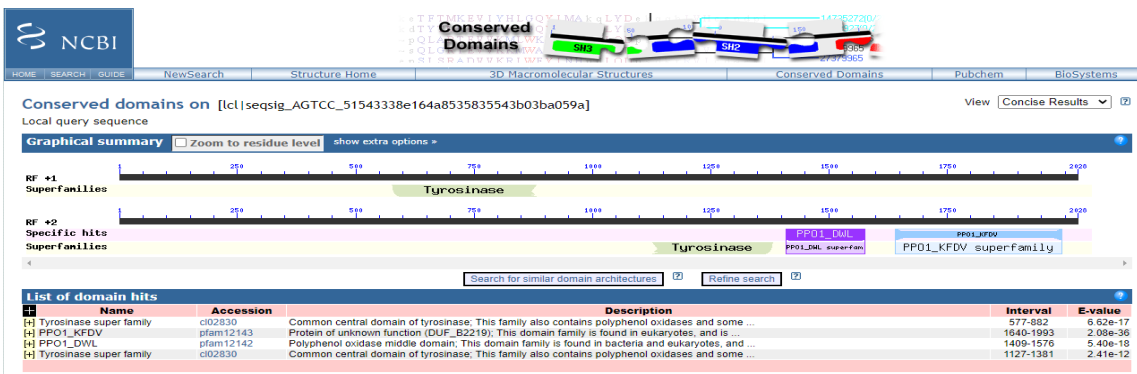
| # | Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|-----|------------|-----------|---|----------|----------|
| [H] | Tyrosinase | pfam00264 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 196-430 | 3.66e-36 |
| [H] | PP01_KFDV | pfam12143 | Protein of unknown function (DUF_B2219). This domain family is found in eukaryotes, and is ... | 518-629 | 4.79e-33 |
| [H] | PP01_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain. This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 440-495 | 4.64e-19 |

ShPPO4-QPEU01172620.1-Saccharum hybridum variedade SP80-3280

>QPEU01172620.1 variedade SP80-3280 [DNA]

ATGCTAATTGCTACAGTAGATAACAGACAAAGATGGTGGAGATGTAGGGGAGATTTTAAAAA
 TGGAGCGAGCAACCAGGCCAATAATTTGCCGGGGCAGTCCACACTTCCACTATATATATATTGG
 CTTGGGCGTTCGATGGATGTGCGTGGCAACGTCCAAATCCAGACCGCTGCAATCTCTAGTCT
 CGTAGACATGAACGGCTCCATGGCGAGCGCCTGCGCCACCTCCAGGCCCTCGTCCCGGCGC
 CCTCTGCATGCCCGTCCAAGAAGACCTCCGCCGCCAGATTCCGGCGCCGCACGTTCTCGTGC
 AGGGCTACCGGCGGCGGCCGGGGCGACAATGAGGGCCTTCTGTGGCTGCCCGGCGTGACGT
 GATGCTCAGCGGCCTGAGCGGTGTGGCCGCCGGGCTCGCCTGGTACCCGGGCCTCGCGTCCG
 GAGCGGATTCGTCTCTTCGCCGTGCACGACGGCGGACAAGGTGAACGAGAAGATCTTGCTG
 TGCGCGGACACGGACAAGCAGAAGCCCTGCCCTCTGGTGTGCGCGGCGGCCCGGCTGGACTT
 CACGCCGGAAGGCAAGGTGACGCGCGTCCGGCAGCCCGTGATCTCCTGAGCCGGGAATACC
 AGGAGAAGTACAAGGAGGCCGTCCGGAAGATGAAGGCGCTGCCGGAGTCGAACCCGCTGAGC
 TTCAAGGCGCAGGCGGCCATCCACCAGGCCACTGCGACAATACTACAAGTACCACAAGTC
 GTCCGGCTCGACGGTGGCCAAGGACGACCCGGCGTTCGACGTGCACTTCTCGTGGATCTTCG

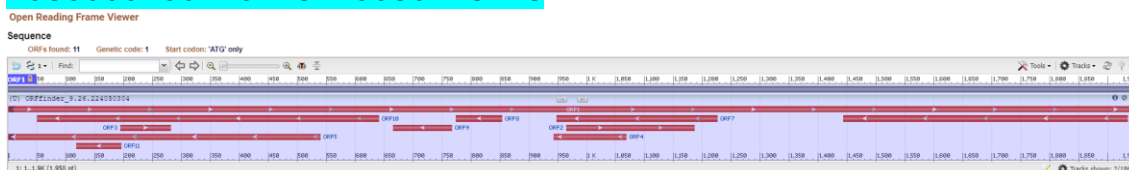
CGCCGTGGCACC GCATGTACATCTACTTCTACGAGCGTGCCTCGGGCAGCTCATCGGGCAG
 AAAACCTTCGCGCTGCCGTTCTGGAGCTGGGACGCGCCGGCCGGCATGGTGGTGCCGGCTCT
 CTTCAAGGACGCCTTTGCCAACCCGCTGTACGACCCCAACCGGAACACGGCGAACGTCAACG
 CGCTGGTTCGACCTAGACTACCTCAGCCACAGGGATGCGAAGCCCATCGATTTCAAGGGCCCA
 AAGGACGAAAAATACAAGGAACCTGTTAAACAAGAACCTGTGCACCGTATACAGCCAGGTGTG
 TGTATACATACATACTCCGCGTGTACAGCTAATTAACCACCTTTGGCTTCATTTTGA
 CGGAAGTGTGCGAGCAAGTGCCTAAGGGCCCGGAGTCGTTCCCTGGGCGAGAAGTACTGCAC
 CGCCATCGATGGCACCAGCGCCATGGGTTTCGCTGGAGCGGATGGCGCACACCGCCATGCACG
 TCTGGGTTCGGCAAGGCGGGCGCGAAGCCTTGCAGCGCCGCGCGGGCGGGCGTTCTGAGCCAC
 AAGGATAATGGCGGTTCAACTGCAACAACGACATGGGGTTCCCTAGGGTCGGCGGGGAACGA
 CCCGCTCTTCTACTCGCACCACTCCAACGTGGACCGCATGTGGCACCTCTGGTCCACCAGGC
 TCGGTGGCGGGCAGGGCATCACGGACCCGGACTGGCTCGACGCCAGTTTCGTCTTCTACGAC
 GACGTCAAGAGCCCGCGGAAGGTGCGCATCAAGTTCCGCGACGTCCTGGACACGCGCGACCT
 CGGCTACACGTACGACCCCGAGTACGACAGGGACCTGCCGTGGCTGCGCCCCAAGATCACGA
 CGCTGGTGGCCACGGCAAGGACAGCGGCGCGCCGGCGAGGTCGTCGGCGGGCGGGCGCCGGTG
 TTCCCGCTCGTCTTGACAAAGGGCCAGGCCGTTGGAGGTGCCGGCCGTGGCCGTGCCGTCCAG
 GGAGGAGGGGAAGGAGCAGCTGCTGGTGATCGACGGCATCGACTTCGACCCGCAGGCGAACA
 ACAAGTTCGACGTGCCATCAACCTGCCCGCGGACAAGGCGCTGCAGGTGGGGCCGCAGTAC
 AAGGAGTACGCCGGGAGCTTCGCCGTCGTGCCGGGCTCCGGCGCCGGCGAGACGCCGAAGGG
 GAAGGTCTCCCTCTGCATCACCGACGTGCTGTACGACCTCGACGCGGAGGACGATAGCACCG
 TCGACGTGCTTATCGTGCCGCGCACTGATGCAAAGGTGACGATCAACGTTCCGCCACCATC
 AGAACCGCAAGTAG



>QPEU01172620.1 SP80-3280 [CDS]

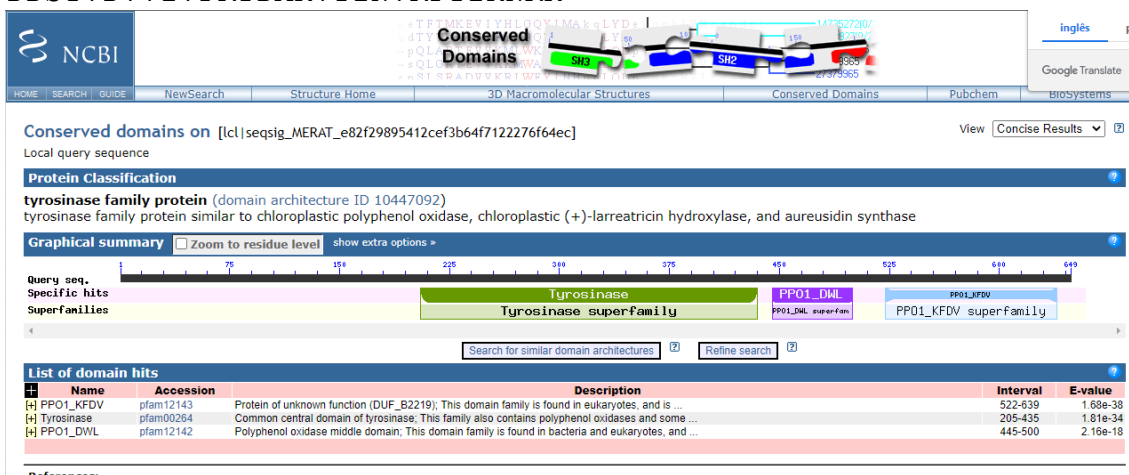
ATGGAGCGAGCAACCAGGCCAATAATTTGCCGGGGCAGTCCACACTTCCACTATATATATTG
 GCCTTGGGCGTCGATGGATGTGCGTGGCAACGTCCAAATCCAGACCGCTGCAATCTCTAGTC
 TCGTAGACATGAACGGCTCCATGGCGAGCGCCTGCGCCACCTCCAGGCCCTCGTCCC GGCG
 CCCTCTGCATGCCCGTCCAAGAAGACCTCCGCCGCGCAGATTCGGCGCCGCACGTTCTCGTG
 CAGGGCTACCGGCGGGCGGCCGGGGCGACAATGAGGGCCTTCTGTGGCTGCCCGGCGTGACG
 TGATGCTCAGCGGCCTGAGCGGTGTGGCCGCGGGCTCGCCTGGTACCCGGGCTCGCGTCC
 GGAGCGGATTCGTCTTCCCGTGCACGACGGCGGACAAGGTGAACGAGAAGATCTTGCT
 GTGCGGGACACGGACAAGCAGAAGCCCTGCCCTCTGGTGTGCGCGGCGGGCCCCCGTGGACT
 TCACGCCGAAGGCAAGGTGACGCGGTCCGGCAGCCCGTGCATCTCTGAGCCGGGAATAC
 CAGGAGAAGTACAAGGAGGCCGTCCGGGAAGATGAAGGCGCTGCCGGAGTCGAACCCGCTGAG
 CTTCAAGGCGCAGGCGGCCATCCACCAGGCCTACTGCGACAACACTACAAGTACCACAAGT
 CGTCCGGCTCGACGGTGGCCAAGGACGACCCGGCGTTTCGACGTGCACCTTCTCGTGGATCTTC
 GCGCCGTGGCACC GCATGTACATCTACTTCTACGAGCGTGCCCTCGGCGACCTCATCGGCGA
 CAAACCTTCGCGCTGCCGTTCTGGAGCTGGGACGCGCCGGCCGGCATGGTGGTGCCGGCTC
 TCTTCAAGGACGCCTTTGCCAACCCGCTGTACGACCCCAACCGGAACACGGCGAACGTCAAC

CGCCTGGTTCGACCTAGACTACCTCAGCCACAGGGATGCGAAGCCCATCGATTTCAAGGGCCC
AAAGGACGAAAAATACAAGGAAGTTGTTAACAAGAAGCTGTGCACCGTATACAGCCAGGTGT
GTGTATACATAACATACTCCGCCGTGTACAGCATGGGTTTCGCTGGAGCGGATGGCGCAC
ACCGCCATGCACGTCTGGGTGGCAAGGCGGGCGGAAGCCTTGCAGCGCCGCCCGGCGG
CGTTCTGAGCCACAAGGATAATGGCGCGTTCAACTGCAACAACGACATGGGGTTCCTAGGT
CGGCGGGGAACGACCCGCTCTTCTACTCGCACCCTCCAACGTGGACCGCATGTGGCACCTC
TGGTCCACCAGGCTCGGTGGCGGGCAGGGCATCACGGACCCGGACTGGCTCGACGCCAGTTT
CGTCTTCTACGACGACGTCAAGAGCCCGGGAAGGTGCGCATCAAGTTCGCGACGTCTTGG
ACACGCGCGACCTCGGCTACACGTACACCCGAGTACGACAGGGACCTGCCGTGGCTGCGC
CCCAAGATCACGACGCTGGTGCCCCACGGCAAGGACAGCGGCGCGCCGGCGAGGTCTGTCGGC
GGCGGCGCCGGTGTTCCTCGTCTGACAAAGGGCCAGGCCGTGGAGGTGCCGGCCGTGG
CCGTGCCGTCCAGGGAGGAGGGGAAGGAGCAGCTGCTGGTGATCGACGGCATCGACTTCGAC
CCGACAGGCGAACAACAAGTTCGACGTCGCCATCAACCTGCCCGCGGACAAGGCGCTGCAGGT
GGGCGCGCAGTACAAGGAGTACGCCGGGAGCTTCGCCGTCTGCGGGGCTCCGGCGCCGGCG
AGACGCGGAAGGGGAAGGTCTCCCTCTGCATCACCGACGTGCTGTACGACCTCGACGCGGAG
GACGATAGCACCGTTCGACGTCTTATCGTGCCGCGCACTGATGCAAAGGTGACGATCAACGT
TCGCCCCACCATCAAGAACCGCAAGTAG



>QPEU01172620.1_Fugian SP80-3280 [AA]

MERATRPIICRGSPhFYIYWPWASMDVVRGNVQIQTAAISSLVDMNGSMASACATSRPLVPA
PSACPSKKTSAARFRRTFSCRATGGGRDNEGLLWLPDRDVMLSGLSGVAAGLAWYPGLAS
GADSSSSPCTTADKVNEKILLCADTDKQKPCPLVSPAAPVDFTPGKQVTRVRQPVHLLSREY
QEKYKEAVGKMKALPESNPLSFKAQAAIHQAYCDNYYKYHKSSGSTVAKDDPAFDVHFSWIF
APWHRMYIYFYERALGLDIGDKTFALPFWSWDAPAGMVPALFKDAFANPLYDPNRNTANVN
ALVDLDYLSHRDAKPIDFKGPKDEKYKELVNKNLCTVYSQVCVYIHTYSAVYSMGLSMAH
TAMHVWVGKAGAKPCDAAAGVLSHKDNGAFNCNNDMGFLGSAGNDPLFYSHHSNVDRMWHL
WSTRLGGGQGITDPDWLDASFVYDDVKS PRKVR IKFRDVLDTLDLGYTYDPEYDRDLPWLR
PKITTLVPHGKDSGAPARSSAAPVFLVLTGQAVEVPAVAVPSREEGKQLLVIDGIDFD
PQANNKFDVA INLPADKALQVGPQYKEYAGSFAVVPGSAGGETRKGKVS LCITDVLVLDLDAE
DDSTVDVVI VPRTD AKVT INVRPTIKNRK*



ShPPO5-QPEU01193810.1-Saccharum hybridum varietate SP80-3280

>QPEU01193810.1 variedade SP80-3280 [DNA]

```

ATGTATGCCACGCAGTGCACACTTCCACTATATACTGGCTTTGGGCATGGATGGATGTG
TGTGGCAACGTCCAAATCCAGACCACTGCTATCTCGTAGTCTCGTAGACATGAACGGCTCCA
TGGCGAGCGCCTGCGCCACCTCCAGCCCCCTCGTCTCGGCGCCCTCTGCATGCCCGTCCAAG
AAGACCGCCGCTGCCAGGTTCCGGCGCCGCACGGTGTCTGTCAGGGCCACCGGCGGCGGCAG
CGGCCGGGGCGACAATGACGGCCTCCTCTGGCTGCCCGGCGTGACGCGATGCTCAACGGCC
TGTCCGGTGTGCGCCGCGGGCTGGCCTGGTACCCGGGCCTCGCGGATGCTGCCTGAGTGCAC
CCGGGCCGACAAGGTGAACGAGAACACCGTGCAGTGCACGGACACGGAAGGGGTGTTGCCGT
GCCCTCTGGTGTGCGCGACGGCCCCCGTGGTGGACTTCACGCCGAGGGCAAGGTGACGCGC
TTCCGGCAGCCGGTGCATCTCCTGAGCCGGAATACCAGGAGAAGTACAAGGAGGCCCTCGC
GAAGATGAAGGCGCTGCCGGAGTCAAACCCGCTGAGCTTCAAGGCGCAGGCGGCCATCCACC
AGGCCACTGCGACAGCTACTACAGCTACCACCGTCTCGTCCGGCTCGGCGGCGGCGAAGGAC
GACCCGGCGTTCGACGTGCACTTCTCGTGGATATTGCGCGCCGTGGCACC GCATGTACATCTA
CTTCTACGAGCGCGCCCTCGGGCAGCTCATCGGCGACGACACCTTCGCGCTGCCGTTCTGGA
ACTGGGACGCCCCCGGCGGCATGGTGGTGGCGCCTCTCTTACGCGAGGGCTCCACGGCCAGC
AACCCGCTGTGCGACGCCAACCGGAACCCGGCGAACCTCGACGCGCTGATCGACCTAGACTA
CCTCAACGACCAGGATGCGGAGCCCATCCCTTTTCAAGGGCCCAAAGGACGAAAAATACAAGA
AACTTGTTAACAAGAACCTGAGCACCGTATAACAACAGGTGTGTACATGTACACAGACATAC
ATACGTA CTCCGCCGCTACAGTATGCTGTATGTGAGCTAACACATTTTCGCTTCATTTTGA
CAGCAAGTAGGTAAGGGCGCGGAGTCTTCCCTGGGCGAGAAGTACTGCACCGACCTCGGGTC
AAGCACGAGCAGCGCGGGTTCGCTGGAGCAGATGGCGCACACCGCCGTGCACGTCTGGGTCCG
GCAAGGCGGGGCCGACGCCTGCGACGGCGACTTGGCGGAAGCTTCCGGCGGCGTCCCGAAC
CACTCCTCAGGCGGGTACAAC TGCAACAACGACATGGGGTTCTGGGGTCGGCGGGGAACGA
CCCGCTCTTCTACTCGCACCACTCCAACGTGGACCGCATGTGGCACCTCTGGTCCACCAGGC
TCGGCGGCGGGCAGGGCATCACGGACACGGACTGGCTGGACGCCAGCTTCGTCTTCTACGAC
GACGTCGAGAGCCCGCGGAAGGTGCGCATCAGGTTCGCGACGTCCTGGACACGCGCGACCT
CGGCTACACGTACGACGCCGAGGCCGACAAGGACCTGCCGTGGCTGCGCCCCAAGATCACGT
CGCTGGTGCCCCACGGCACGGACAGCGGCGCGACGACGGCGAGGTCTGTCGGCGGCGGCGCCG
GTGTTCCCGCTCGCCCTGACCAAGGGCCAGGTCTGGAGGTGCCGGCCGTAGCTGTGCCGGC
CAGGGAGGCGGGGAAGGAGCAGCTGCTGGTGTGACGGCATCGAGTTCGACCCCCAGGCGA
ACAACAAGTTCGACGTCGCCATCAACGTGCCC GCGGACAAGGCATTGTTGGTGGGGCCGCAG
TACAAGGAGTACGCCGGGAGCTTCGCCGTCGTGCCGGGCTCCGGCGCCGGCGGGACGCGGAA
GGGAAGGTCTCCCTCTGCATCACCGACGTGCTGTACGATCTCGACTCTGAGGACGATAGCA
TCGTGACGTCGTTATCGTGCCGCGCACAGCTGCCAAGGTGACGCTCAACGTTCCGCCACC
ATCAAGAATCGAACTAG

```

NCBI

Conserved Domains

Local query sequence [lcl|seqsig_ATGTA_739678d0fe5de397e0691da66f4cd127]

Graphical summary

RF #1

Specific hits

Superfamilies

RF #2

Superfamilies

List of domain hits

| # | Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|-----|-------------------------|-----------|---|-----------|----------|
| [4] | PP01_KFDV | pfam12143 | Protein of unknown function (DUF_B2219); This domain family is found in eukaryotes, and is | 1678-2013 | 8.43e-31 |
| [4] | PP01_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain. This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and | 1444-1511 | 4.36e-19 |
| [4] | Tyrosinase super family | cl02830 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some | 1195-1416 | 3.21e-12 |
| [4] | Tyrosinase super family | cl02830 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some | 587-898 | 6.28e-18 |

>QPEU01193810.1 variedade SP80-3280 [CDS]

ATGACGGCCTCCTCTGGCTGCCCGGCGTGACGCGATGCTCAACGGCCTGTCCGGTGTGCGC
 GCCGGGCTGGCCTGGTACCCGGGCTCGCGGATGCTGCCTGAGTGCACCCGGGCGACAAGG
 TGAACGAGAACACCGTGCAGTGCACGGACACGGAAGGGTGTGCGGTGCCCTCTGGTGTGCG
 GCGACGGCCCCCGTGGTGGACTTACAGCCGGAGGGCAAGGTGACGCGCTTCCGGCAGCCGGT
 GCATCTCCTGAGCCGGGAATACCAGGAGAAGTACAAGGAGGCCCTCGCGAAGATGAAGGCGC
 TGCCGGAGTCAAACCCGCTGAGCTTCAAGGCGCAGGCGGCCATCCACCAGGCCTACTGCGAC
 AGCTACTACAGCTACCACCGGTGCTCCGGCTCGGCGGCGGCAAGGACGACCCGGCGTTCGA
 CGTGCATTCTCGTGGATATTCGCGCCGTGGCACCGCATGTACATCTACTTCTACGAGCGCG
 CCCTCGGGCAGCTCATCGGCGACGACACTTCGCGCTGCCGTTCTGGAAGTGGGACGCCCC
 GCGGCATGGTGGTGCCGCTCTCTTCAGCGAGGGCTCCACGGCCAGCAACCCGCTGTGCGA
 CGCAACCGGAACCCGGCGAACCTCGACGCGCTGATCGACCTAGACTACCTCAACGACCAGG
 ATGCGGAGCCATCCCTTTCAAGGGCCAAAGGACGAAAAATACAAGAACTTGTTAAACAAG
 AACCTGAGCACCGTATACAACAGGTGTGTACATGTACACAGACATACATACGTACTCCGCC
 CGGTACAGTATGCTGTATGATGGCGCACACCGCGTGCACGTCTGGGTGGCAAGGCGGGGC
 CGACGCCTGCGACGGGACTTGCGGCGAAGCTTCCGGCGGCGTCCCGAACCCTCCTCAGGC
 GGGTACAACCTGCAACAACGACATGGGGTTCTGGGGTTCGGCGGGGAACGACCCGCTCTTCTA
 CTCGCACCACTCCAACGTGGACCGCATGTGGCACCTCTGGTCCACCAGGCTCGGCGGCGGGC
 AGGGCATCACGGACACGGACTGGCTGGACGCCAGCTTCGTCTTCTACGACGACGTCGAGAGC
 CCGCGGAAGGTGCGCATCAGGTTCCGCGACGTCCTGGACACGCGCGACCTCGGCTACACGTA
 CGACGCCGAGGCCGACAAGGACCTGCCGTGGCTGCGCCCCAAGATCACGTCGCTGGTGCCCC
 ACGGCACGGACAGCGGCGGACGACGGCGAGGTCGTCGGCGGCGGCGCCGGTGTTCGCGCTC
 GCCCTGACCAAGGGCCAGGTCGTGGAGGTGCCGGCCGTAGCTGTGCCGGCCAGGAGGCGGG
 GAAGGAGCAGCTGCTGGTGTGACGCGCATCGAGTTCGACCCCCAGGCGAACAACAAGTTCG
 ACGTCGCCATCAACGTGCCCGCGGACAAGGCATTGTTGGTGGGGCCGAGTACAAGGAGTAC
 GCCGGGAGCTTCGCCGTCGTGCCGGGCTCCGGCGCCGGCGGGACGCGGAAGGGGAAGGTCTC
 CCTCTGCATCACCGACGTGCTGTACGATCTCGACTCTGAGGACGATAGCATCGTCGACGTCG
 TTATCGTGCCGCGCACAGCTGCCAAGGTGACGCTCAACGTTCCGCCACCATCAAGAATCGA
 AACTAG



>QPEU01193810.1_Fujian varietade SP80-3280 [AA]

MTASSGCPGVTRCSTACPVSPPGWPGTRASRMLPECTRADKVNENTVQCTDTEGVLPCPLVS
 ATAPVVDFTPGKVTFRQPVHLLSREYQEKYKEALAKMKALPESNPLSFKAQAIIHQAYCD
 SYYSYHRSSGSAAAKDDPAFDVHFSWIFAPWHRMYIYFYERALGQLIGDDTFALPFWNWDAP
 GGMVVPPLFSEGSTASNPLCDANRNPANLDALIDLIDYLNQDAEPIPFKGPKEKYKKLVNK
 NLSTVYNQVCTCTQTYIRTPPRTVCCMMAHTAVHVWVGKAGPTPATATCGEASGGVPNHSSG
 GYNCNNDMGFLGSAGNDPLFYSHHSNVDRMWHLWSTRLGGGQGITD TDWLDASFVFDVDES
 PRKVRIRFRDVL DTRDLGYTYDAEADKDL PWL RPKITSLVPHGTD SGATTARSSAAAPVFP L
 ALTKGQVVEVPAVAVPAREAGKEQLLVIDGIEFDPQANNKFDVAINVPADKALLVGPQYKEY
 AGSFAVVP GSGAGGTRKGVSLCITDVLYDL DSEDDSI DVVIVPRTAAKVT LNVRPTIKNR
 N*

Conserved domains on [lcl|seqsig_MTASS_8ecd6261e854dd1513070eb7f1cef9f9] View ?

Local query sequence

Protein Classification

tyrosinase family protein (domain architecture ID 10447092)
 tyrosinase family protein similar to chloroplastic polyphenol oxidase, chloroplastic (+)-larreatricin hydroxylase, and aureusidin synthase

Graphical summary Zoom to residue level [show extra options](#) +

Query seq. 1 75 150 225 300 375 450 525 599

Specific hits

Superfamilies

Tyrosinase
 Tyrosinase superfamily
 PPO1_DWL
 PPO1_DWL superfamily
 PPO1_KFDV
 PPO1_KFDV superfamily

? ?

List of domain hits

| # | Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|-----|------------|-----------|---|----------|----------|
| [+] | Tyrosinase | pfam00264 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 109-344 | 1.61e-34 |
| [+] | PPO1_KFDV | pfam12143 | Protein of unknown function (DUF_B2219). This domain family is found in eukaryotes, and is ... | 432-543 | 4.95e-32 |
| [+] | PPO1_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain. This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 354-409 | 4.87e-19 |

ShPPO6-QPEU01191894.1-Saccharum hybridum variedadde SP80-3280

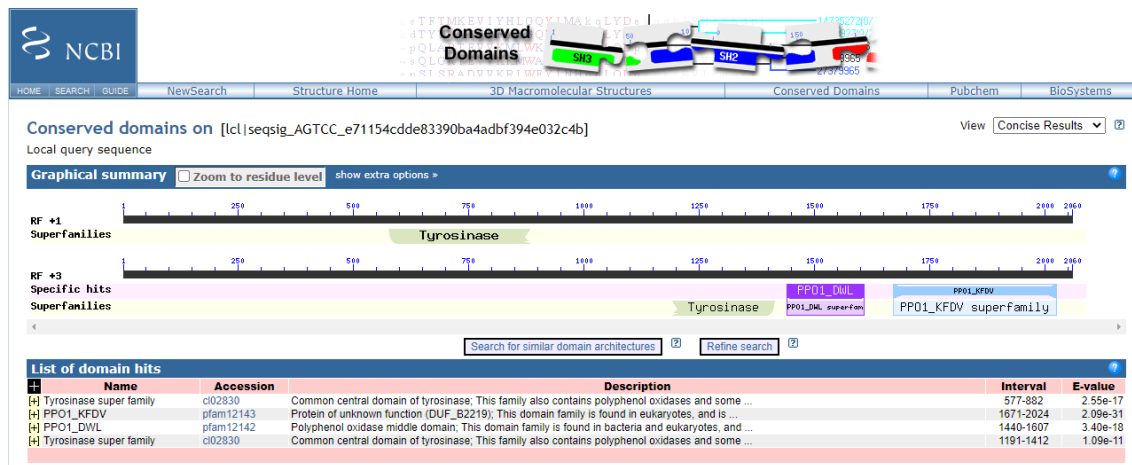
>QPEU01191894.1 variedadde SP80-3280 [DNA]

```

AGTCCACACTTCCACTATATATACTGGCCTTGGGCGTCGATGGATGTGCGTGGCAACGTACA
AATCCAGACCGCTGCAATCTCTAGTCTCGTAGACATGAACGGCTCCATGGCGAGCGCCTGCG
CCACCTCCAGGCCCTCGTCCCGGCGCCCTCTGCATGCCCGTCCAAGAAGACCTCCGCCGCC
AGATTCCGGCGCCGCACGTTCTCGTGCAGGGCTACCGGCGGCGGCCGGGGCGACAATGACGG
CCTTCTGTGGCTGCCCCGGCGTGATGTGATGCTCAGCGGCCTGAGCGGTGTGGCCGCCGGGC
TCGCCTGGTACCCGGGCTCGCGTCCGGCGGGATTCGTCTGCTTTCGCCGTGCACGACGGCA
GACAAGGTGAACGAGAAGATCTTGCAGTGCACGGACACGAGCAAGCAGAAGCCGTGCCCTCT
GGTGTGCGCCGACGGCCCCGTCGACTTCACGCCGAAGGCAAGGTGACGCGCGTCCGGCAGC
CGGTGCATCTCCTGAGCCGGGAAAACCAGGAGAAGTACAAGGAGGCCGTCCGGGAAGATGAAG
GCGCTGCCGGAGTCAACCCGCTGAGCTTCAAGGCGCAGGCGGCCATCCACCAGGCCTACTG
CGACAGCTACTACAAGTACCACCGGTCGTCGGCGGCGAAGGACGACGTCGACCCGCCCTTCG
ACGTGCACTTCTCGTGGATCTTTCGCGCCGTGGCACCCGCATGTACATCTACTTCTACGAGCGC
GCCCTCGGCGACCTCATCGGCGACAAAACCTTCGCGCTGCCGTTCTGGAGCTGGGACGCGCC
GGCCGGCATGGTGGTGCCGGCTCTCTTCAAGGACGCCTTTGCCAACCCGCTGTACGACCCCA
ACCGGAACACGGTGAACCTCGACGCGCTGGTCGACCTAGACTACCTCCACGCAGACAAGGAT
GAGAAGGCGAATCCCATCGATTTCAAGGGCCCAAAGGACGAAAAATACAAGGAACCTTGTTAA
CAAGAACCTGTGCACCATATACAACCAGGTGTGTGTACATATACATACATACGTACATATAC
AGTTACAGTATGTGAGGTAATTAACCACCTTTGGCTTCATGCATTTTGACGGAACCTGGTGGT
AGCAAGTACGTAAGGGCCCGGAGTCGTTCTGGGCGAGAAGTACTGCACCGACATCGACGGC
AGCAGCAGCGCGGGTTCGCTGGAGCGGATGGCGCACACCGCCATGCACGTCCTGGGTCGGCAA
GGCGAGCCCGACGTCCTGGGTCGTGCGACGCCGCCGGCGGCGGCGTCTGAGCCACAAGGACG
GCGCGTACAAGTACAACCTGCAACAACGACATGGGGTTCTTAGGGTTCGGCGGGGAACGACCCG
CTCTTCTACTCGCACCCTCCAACGTGGACCGCATGTGGCACCTCTGGTCCACCAGGCTGGG
AGGCGGGCAGGGCATCACGGACCCGGACTGGCTCGACGCCAGTTTCGTCTTCTACGACGACG
TCAAGAGCCC CGGAAGGTGCGCATCAAGTTCGCGACGTCCTGGACACGCGCGACCTCGGC
TACACGTACGACCCCGAGTACGACAGGGACCTGCCGTGGCTGCGCCCCAAGATCACGACGCT
GGTCCCCACGGCAAGGACAGCGGCGCGCCGGCGAGGTCGTCGGCGGCGAGCTCCGGTGTTC
CGCTCGCCCTACCAAGGGCCAGGTCGTGGAGGTGCCGGCCGTGGCTGTGCCGGCCAGGGAG
GCAGGGAAGGAGCAGCTGCTGGTCATCGACGGCATCGAGTTCGACCCCGAGGCGAACAACAA
GTTTCGACGTCGCCATCAACTTGCCCGCGGACAAGGCGTTGCAGGTGGGGCCGCAGTACAAGG
AGTACGCCGGGAGCTTCGCCGTGGTGCCGGGCTCCGGCGCCGGCGAGACGCAGAAGGGGAAG
GTGTCCCTCTGCATCACCGACGTCGTGTACGACCTCGACGCTGAGAACGATAGCACCGTCCA

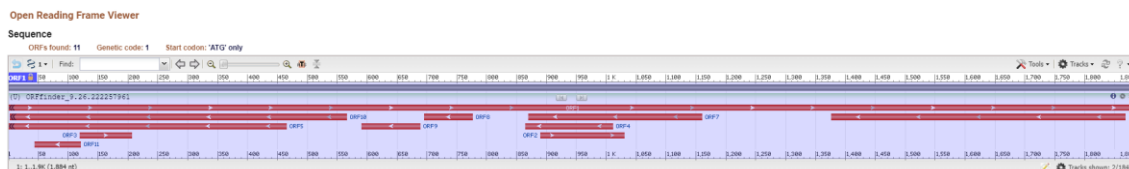
```


CGTCGTTATCGTGCCGCGCACAGCTGCCAAGGTGACGATCAACGTTCCGCCACCACATCAAGA
ACCGCAAGTAG



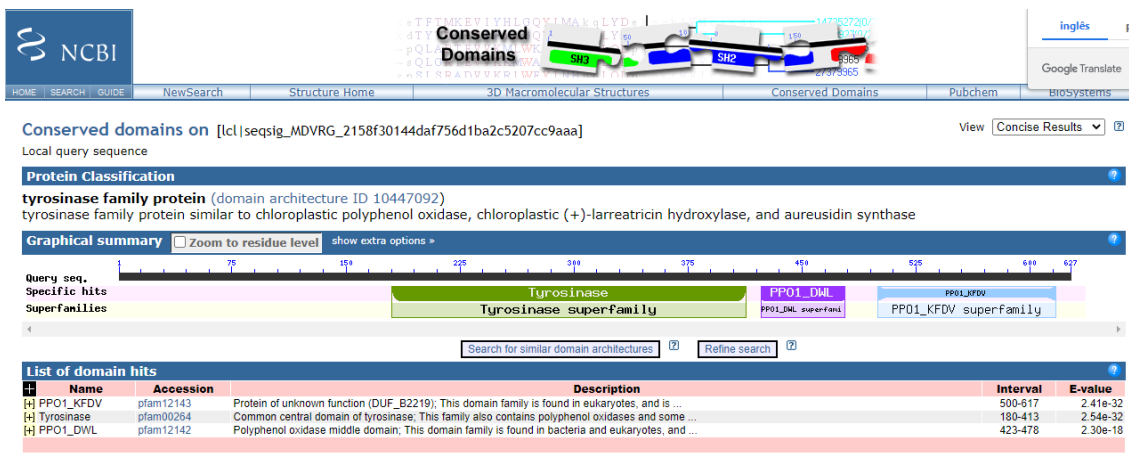
>QPEU01191894.1 variedade SP80-3280 [CDS]

ATGGATGTGCGTGCCAACGTACAAATCCAGACCGCTGCAATCTCTAGTCTCGTAGACATGAA
CGGCTCCATGGCGAGCGCCTGCGCCACCTCCAGGCCCTCGTCCCGGCGCCCTCTGCATGCC
CGTCCAAGAAGACCTCCGCCGCGAGATTCCGGCGCCGACGTTCTCGTGCAGGGCTACCGGC
GGCGGCCGGGGCGACAATGACGGCCTTCTGTGGCTGCCCGGCGTGATGTGATGCTCAGCGG
CCTGAGCGGTGTGGCCGCCGGGCTCGCCTGGTACCCGGGCTCGCGTCCGGCGCGGATTCGT
CGTCTTCGCCGTGCACGACGGCAGACAAGGTGAACGAGAAGATCTTGCAGTGCACGGACACG
AGCAAGCAGAAGCCGTGCCCTCTGGTGTGCGCGACGGCCCCGTCGACTTCACGCCGGAAGG
CAAGGTGACGCGCGTCCGGCAGCCGGTGCATCTCCTGAGCCGGAAAACCAGGAGAAGTACA
AGGAGCCGTCGGGAAGATGAAGGCGCTGCCGGAGTCAACCCGCTGAGCTTCAAGGCGCAG
GCGGCCATCCACCAGGCCTACTGCGACAGCTACTACAAGTACCACCGGTCGTCGGCGGCGAA
GGACGACGTCGACCGCCCTTCGACGTGCACTTCTCGTGGATCTTCGCGCCGTGGCACCAGCA
TGTACATCTACTTCTACGAGCGCGCCCTCGGCGACCTCATCGGCGACAAAACCTTCGCGCTG
CCGTTCTGGAGCTGGGACGCGCCGGCCGGCATGGTGGTGCCGGCTCTCTTCAAGGACGCCTT
TGCCAACCCGCTGTACGACCCCAACCGGAACACGGTGAACCTCGACGCGTGGTCGACCTAG
ACTACCTCCACGCAGACAAGGATGAGAAGGCGAATCCCATCGATTTCAAGGGCCCAAAGGAC
GAAAAATACAAGGAACCTTGTTAACAAGAACCTGTGCACCATATAACAACCAGGTGTGTGTACA
TATACATACATACGTACATATACAGTTACAGTATGTGAGGATGGCGCACACCGCCATGCACG
TCTGGGTCCGCAAGGCGAGCCCGACGTCTGGGTCTGCGACGCCCGCGGCGGCGGTCTCTG
AGCCACAAGGACGGCGCGTACAAGTACAACGCAACGACATGGGGTTCCTAGGGTCGGC
GGGAACGACCCGCTCTTCTACTCGCACCACTCCAACGTGGACCGCATGTGGCACCTCTGGT
CCACCAGGCTGGGAGGCGGGCAGGGCATCACGGACCCGGACTGGCTCGACGCCAGTTTCGTCT
TTCTACGACGACGTCAAGAGCCCGCGGAAGGTGCGCATCAAGTTCGCGACGTCTGGACAC
GCGCGACCTCGGCTACACGTACGACCCCGAGTACGACAGGGACCTGCCGTGGCTGCGCCCA
AGATCACGACGCTGGTGCCCCACGGCAAGGACAGCGGCGCGCCGGCGAGTCTCGGCGGCA
GCTCCGGTGTTCGCTCGCCCTACCAAGGGCCAGGTCGTGGAGGTGCCGGCCGTGGCTGT
GCCGGCCAGGGAGGCGAGGAAGGAGCAGCTGCTGGTCATCGACGGCATCGAGTTCGACCCGC
AGGCGAACAACAAGTTCGACGTGCGCCATCAACTGCCCGCGGACAAGGCGTTGCAGGTGGGG
CCGAGTACAAGGAGTACGCCGGGAGCTTCGCCGTGGTGCCGGGCTCCGGCGCCGGCGAGAC
GCAGAAGGGGAAGGTGTCCCTCTGCATCACCGACGTGCTGTACGACCTCGACGCTGAGAACG
ATAGCACCGTCGACGTCGTTATCGTGCCGCGCACAGCTGCCAAGGTGACGATCAACGTTCCG
CCCACCATCAAGAACCAGCAAGTAG



>QPEU01191894.1 variedade SP80-3280 [AA]

MDVRGNVQIQTAAISSLVDMNGSMASACATSRPLVPAPSACPSKKTSAARFRRRTFSCRATG
 GGRGDNDGLLWLP RRDVML SGLSGVAAGLAWYPGLASGADSSSSPCTTADKVNEKILQCTDT
 SKQKPCPLVSP TAPVDF TPEGKVTRVRQPVHLLSRENQEKYKEAVGKMKALPESNPLSFKAQ
 AAIHQAYCDSYKYHRSSAAKDDVDRPFDVHFSWIFAPWHRMYIYFYERALGDLIGDKTFAL
 PFWSWDAPAGMVVPALFKDAFANPLYDPNRNTVNLDALVDLDYLDHADKDEKANPIDFKGPKD
 EKYKELVNKNLCTIYNQVCVHIHTYVHIQLQYVRMAHTAMHVWVGKASPTSGSCDAAGGGVL
 SHKDGAYKYNCNNDMGFLGSAGNDPLFYSHHSNVDRMWHLWSTRLGQQGITDPDWLDASFV
 FYDDVKS PRKVR IKFRDVL DTRDLG YTYDPEYDRDL PWRPKIT TLPVPHGKDSGAPARSSAA
 APVFPLALTKGQVVEVPAVAVPAREAGKEQLLVIDGIEFDPQANNKFDVAINLPADKALQVG
 PQYKEYAGSFAVVP GSGAGET QKGKVS LCITDVL YDLDAENDSTVDV VIVPRTAAKVTINVR
 PTIKNRK*



ShPPO07-QPEU01256022.1-Saccharum hybridum variedade SP80-3280

>QPEU01256022.1 variedade SP80-3280 [DNA]

ATGGCAGGTAGCAACGGTCTCTGCTGCTCGCATTACGCATCGTCCTCTTCTGCGCCCTCGC
 CTCTGCGGCCACCACCTTGCTCCCTCTCGTCACAAGACCATGCGCCTACTCCCTGCCAAGAA
 CCATCCTCGCCGCCACCGGCTCGACCCTCACCTCATCTCCTGCGCCGACGACGGCTCCAAG
 TCCAATGCCACCTGTGCGAAGGCGACGGAGGCAACAAGCCCCGCAGCGGGCGGAGGCCCAT
 AGTCACCGACCTGCTGTGCTGCGGCGAGCCCGACCTCCCATCCCACGCGTCCCGCCGTTC
 GCTGCTGCCCGCCGACGCCGGCGTCCGACGCTCCCGTCACCAACTTACGTTCCCGGACCCA
 GGCGAGCCGCTCCGGACGCGGCGGCGGCACGAGCCAGCACGGACAGCGTAGCCCGGTA
 CGCGCGCGGCTGGCGCTGATGAAGGCGTCCCGGAGTCGGACCCACGCAGCTTCTACCAGC
 AGGCCAACGTCCACTACTGCGCTACTGCGCCGCGGCGTACCGGCAGGCGGGGCGGCGGAGCTG
 CCCGTGCAGATCCACTACTCGTGGCTCTTCTTCCCGTTCACCGCGCCTACCTTACTTCTT
 CGAGCGCTCGCGGCGAGGCTCCTGGGGGACCCCGGCTTCGCCGTGCCGTTCTGGAGCTGGG

ACGTGCCCGAGGGGATGCCGGTGCCGCCGAGTTCGCCGACGTCGCGTCCCCGCTCTACGAC
 CCGATGAGGAACCCGGAGCACGCGCCGCCGAGACTCGTGGACCTCGACTTCTCGTACGTGGA
 CAAGAATTGCACCGACGAGCAGCAAATCCAGCTCAACCTCCGCATCATGTATAAACAGATGG
 TCACCAACGCGCCGCTGCCGTCCCTCTTCCACGGGCAGCCCTACCGCGCCGGCGACCGGGGG
 ATGCCCGGTGCAGGAACGGTGGAGCTGAGCCCGCACAAACATAGTCCACCGATGGTCCGGCGA
 CCTCTCGCGGGCCAACCACGAGAACATGGGCGCCTACTACTCCTCCGCCCGCGACCCCATCT
 TCTACCCGCACCACGCCAACTCGGACCGCCTCTGGGAGGTCTGGCGCGGCGTCCGGCGGGC
 CACGCGGACTTCACGGACCCCGACTGGCTCGACTCGTTCCTGTTGTACGACGAGGACGC
 GAGGCTCGTGCGAGTCACCGTCCCGACATGCTCGACGTCGGGAGGCTTCGGTACGCGTACG
 CCAAGGTCGGCCTGCCGTGGCTCAGCGCGCGGCCGCCATCGTCACCCCTGACGGCGACGTG
 AACCGCGCAAGAGGCCAGCTGCCGCACCTGAAGTCCGTCCGCTTCCCGGTGTCTCTCGATGC
 CGCGGTGACCGCGGAGGTGAGCCGGCGGCCCGGAAAGCCACGAAGCCAGTGGGAGGAGGTGC
 TGGTGGTTCGAGGGCATCGAGGCCGACGGCGCGGGCTTCGTCAAGTTCGACGTGTACGTGAAC
 GCAGTGGATCACGAGAAGGTCGGCCCCGGCGGTTCGGGAGATGGCTGGAAGCTTCGTGTCCCT
 GAAGCACCCCGCAAGGTGGTGGTGCAGACCAGCATGAGGGTGGCGCTGAACGAGCTGCTGC
 AGGACCTGGGCGCCGAGGGAGACGACAGCGTCACGGTACGTTGGTGCCCGTGGAGGGGAGG
 GTCAGGATCGGAGGCCTGAGGATAGCGTACATGGCGGAGTGA

NCBI

Conserved Domains

HOME SEARCH GUIDE NewSearch Structure Home 3D Macromolecular Structures Conserved Domains Pubchem BioSystems

Conserved domains on [lcl|seqsig_ATGGC_f87bb305a4e3ff45c8d9cb19677eb98c] View [Concise Results] [?]

Local query sequence

Graphical summary [Zoom to residue level] show extra options [?]

RF +1

Specific hits

Superfamilies

Tyrosinase

Tyrosinase superfamily

PPO1_DWL

PPO1_DWL superfamily

PPO1_KFDV

PPO1_KFDV superfamily

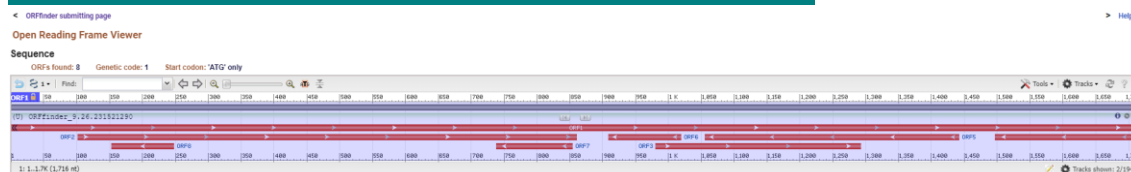
Search for similar domain architectures [?] Refine search [?]

| # | Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|-----|------------|-----------|---|-----------|----------|
| [H] | PPO1_KFDV | pfam12143 | Protein of unknown function (DUF_B2219); This domain family is found in eukaryotes, and is ... | 1345-1704 | 5.22e-39 |
| [H] | Tyrosinase | pfam00264 | Common central domain of tyrosinase; This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 478-1101 | 1.11e-32 |
| [H] | PPO1_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain; This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 1123-1278 | 1.79e-24 |

>QPEU01256022.1 variedade SP80-3280 [CDS]

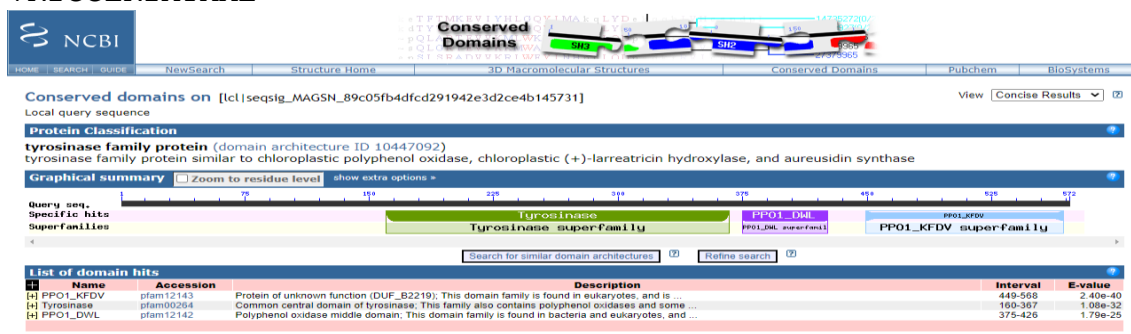
ATGGCAGGTAGCAACGGTCCCTCTGCTGCTCGCATTACGCATCGTCCTCTTCTGCGCCCTCGC
 CTCTGCGGCCACCACCTTGCTCCCTCTCGTACAAGACCATGCGCCTACTCCCTGCCAAGAA
 CCATCCTCGCCGCCACCGCCTCGACCCTCACCTCATCTCCTGCGCCGACGACGGCTCCAAG
 TCCAATGCCACCTGTCGGAAGGCGACGGAGGCAACAAGCCCCGACGCGCGGGCAGGCCCAT
 AGTCACCGACCTGCTGTGCTGCGGGGAGCCCGACCTCCCATCCCACGCGCTCCCGCCGTTCC
 GCTGCTGCCCGCCGACGCCGGCGTCCGACGCTCCCGTCACCAACTTCACGTTCCCGGACCA
 GGCGAGCCGCTCCGGACGCGGCGGCCGGCGCACGAGCCAGCACGGACAGCGTAGCCCGGTA
 CGCGCGCGCGGTGGCGCTGATGAAGGCGCTGCCGGAGTCGGACCCACGCAGCTTCTACCAGC
 AGGCCAACGTCCACTGCGCCTACTGCGCCGCGGCGTACCGGCAGGCGGGGCGGCCGGAGCTG
 CCCGTGCAGATCCACTACTCGTGGCTCTTCTTCCCGTTCACCGCGCCTACCTCTACTTCTT
 CGAGCGCGTCCGGCGAGGCTCCTGGGGGACCCGGCTTCGCGGTGCCGTTCTGGAGCTGGG
 ACGTGCCCGAGGGGATGCCGGTGCCGCCGAGTTCGCCGACGTCGCGTCCCCGCTCTACGAC
 CCGATGAGGAACCCGGAGCACGCGCCGCCGAGACTCGTGGACCTCGACTTCTCGTACGTGGA
 CAAGAATTGCACCGACGAGCAGCAAATCCAGCTCAACCTCCGCATCATGTATAAACAGATGG
 TCACCAACGCGCCGCTGCCGTCCCTCTTCCACGGGCAGCCCTACCGCGCCGGCGACCGGGGG
 ATGCCCGGTGCAGGAACGGTGGAGCTGAGCCCGCACAAACATAGTCCACCGATGGTCCGGCGA
 CCTCTCGCGGGCCAACCACGAGAACATGGGCGCCTACTACTCCTCCGCCCGCGACCCCATCT
 TCTACCCGCACCACGCCAACTCGGACCGCCTCTGGGAGGTCTGGCGCGGCGTCCGGCGGGC
 CACGCGGACTTCACGGACCCCGACTGGCTCGACTCGTTCCTGTTGTACGACGAGGACGC
 GAGGCTCGTGCGAGTCACCGTCCCGACATGCTCGACGTCGGGAGGCTTCGGTACGCGTACG
 CCAAGGTCGGCCTGCCGTGGCTCAGCGCGCGGCCGCCATCGTCACCCCTGACGGCGACGTG

```
AACCGCGCAAGAGGCCAGCTGCCGCACCTGAAGTCCGCTCCCGGTGTCTCTCGATGC
CGCGGTGACCGCGGAGGTGAGCCGGCGGCCCGGAAAGCCACGAAGCCAGTGGGAGGAGGTGC
TGTTGGTTCGAGGGCATCGAGGCCGACGGCGGGCTTCGTCAAGTTCGACGTGTACGTGAAC
GCAGTGGATCACGAGAAGGTGGCCCCGGCGGTGGGAGATGGCTGGAAGCTTCGTGTCCCT
GAAGCACCCCGCAAGGTGGTGGTGCAGACCAGCATGAGGGTGGCGCTGAACGAGCTGCTGC
AGGACCTGGGCGCCGAGGGAGACGACAGCGTACAGGTGACGTTGGTGCCCGTGGAGGGGAGG
GTCAGGATCGGAGGCCTGAGGATAGCGTACATGGCGGAGTGA
```



>QPEU01256022.1_Fujian varietade SP80-3280 [AA]

```
MAGSNGPLLLALRIVLFCALASAATLLPLVTRPCAYSLPRTILAATGLDPHLISCADDGSK
SNAHLSEGDGKNKPRSGGRP I VTDLLSCGEPDLPSHALPPFRCCPPTPASDAPVTNFTFPDP
GEPLRTRRPAHEPSTDSVARYARAVALMKALPESDPRS F YQQANVHCAYCAAAYRQAGRPEL
PVQIHYSWLFPPFHRAYLYFFERVAARLLGDPGFVPPFWSWDVPEGM RVPPEFADVASPLYD
PMRNPEHAPPRLVDLDFS YVDKNCTDEQQIQLNLRIMYKQMV TNAPLPSLFHGQPYRAGDRG
MPGAGTVELSPHNIVHRWSGDL SRANHENMGAYSSARDP I FYPHHANS DRLWEVVRGVGGG
HADFTDPDWLDS SFLLYDEDARLVRVTVRDMLDVGR LRYAYAKVGLPWLSARPP I VTPDGDV
NRARGQLPHLKS VRFVPSLDAAVTAEVSR RPKPRS QWEEVLVVEGIEADGAGFVKFDVYVN
AVDHEKVGPGREMAGS FVSLKHGPKVVVQ TSMRVALNEL LQDLGAEGDDSVTVTLVPVEGR
VRIGGLRIAYMAE *
```



ShPPO08-QPEU01249353.1-Saccharum hybridum varietade SP80-3280

>QPEU01249353.1 varietade SP80-3280 [DNA]

```
ATGCATGATGACACCGTAGGTTTGCACCCGCAGATGCTAATTGCTACAGTAGACACAGACAA
AGATGGTGGAGATGCGGGGGAGATTTTGA AAAATGGAGCGAGCATTTCAGGCCAATAACTTTC
TCGAGGCAGTCCACAGTTCCTACTATATACTGGCCTTGGGCGTTCGATGGATGTGCGTGGCA
ACGTCCAAATCCAGACCGCTGCAATCTCTAGTCTCGTAGACATGAACGGCTCCATGGCGAGC
GCCTGCGCCACCTCCAGGCCCTCGTCCCGGCGCCCTCTGCATGCCCGTCCAAGAAGACCTC
CGCCGCCAGATTCGGGCGCCGCACGTTCTCGTGCAGGGCTGCCGGCGGCGGCAGCGGCGGCC
GGGGCGACAATGAGGGCCTTCTGTGGCTGCCCGGCGTGACGTGATGCTCAGCGGCCTGAGC
GGTGTGGCCCGCGGGCTCGCCTGGTACCCGGGCCTCGCGTCCGGAGCGGATTCGTCTCTTTC
GCCGTGCACGACGGCGGACAAGGTGAACGAGAAGATCTTGCTGTGCGCGGACACGGACAAGC
AGAAGCCCTGCCCTCTGGTGTGCGCCGGCGGCCCCCGTGGACTTCACGCCGGAAGGCAAGGTG
ACGCGCGTCCGGCAGCCCGTGCATCTCCTGAGCCGGGAATACCAGGAGAAGTACAAGGAGGC
CGTCGGGAAGATGAAGGCGCTGCCGGAGTCGAACCCGCTGAGCTTCAAGGCGCAGGCGGCCA
TCCACCAGGCCTACTGCGACA ACTACTACAAGTACCACAAGTTCGTCGGCTCGACGGTGGCC
AAGGACGACCCGGCGTTCGACGTGCACTTCTCGTGGATCTTCGCGCCGTGGCACCGCATGTA
```

CATCTACTTCTACGAGCGTGCCCTCGGCGACCTCATCGGCGACAAAACCTTCGCGCTGCCGT
 TCTGGAGCTGGGACGCGCCGGCCGGCATGGTGGTACCGGCTCTCTTCAAGGACGCCTTTGCC
 AACCCGCTGTACGACCCCAACCGGAACACGGTGAACCTCGACGCGCTGGTTCGACCTAGACTA
 CCTCCACGCAGACAAGGATGAGAAGGTGAATCCCATCGATTTCAAGGGCCCAAAGGACGAAA
 AATATAAGGGACTTGTTAACAAGAACCTGTGCACCATATAACAACCAGGTGTGTGTACATATA
 CATAACATACGTACATATAACAGTTACAGTATGTGAGGTAATTAACCACCTTTGGCTTCATGCA
 TTTTGACGGAACGGTGGCAGCAAGTACGTAAGGGCCCGGAGTCGTTTCTGGGCGAGAAGTA
 CTGCACCGACGGTAGCAGCAGCGGGTTTCGCTGGAGCGGATGGCGCACACCGCCATGCACG
 TCTGGGTTCGGCAAGGCGAGCCCGACGTCTGGGTCTGCGACGCCGCCGGCGGCGGCGTCTTG
 AGCCACAAGGACGGCAAGTACAACCTGCAACAACGACATGGGGTTCTAGGGTCGGCGGGGAA
 CGACCCGCTCTTCTACTCGCACCACTCCAACGTGGACCGCATGTGGCACCTCTGGTCCACCA
 GGCTGGGCGGGCGGGCAGGGCATCACGGACCCGGACTGGCTCGACGCCAGTTTCGTCTTCTAC
 GACGACGTCAAGAGCCCGCGGAAGGTGCGCATCAAGTTCCGCGACGTCTTGACACGCGCGA
 CCTCGGCTACACGTACGACCCTGAGTACGACAGGGACCTGCCGTGGCTGCGCCCCAAGATCA
 CGACGCTGGTGGCCACGGCAAGGACAGCGGCGCGCCGGCGAGGTCGTCGGCGGGCGGCGCCG
 GTGTTCCCGCTCGTCTTGACAAAGGGCCAGGTCGTGGAGGTGCCGGCCGTGGCCGTGCCGTC
 CAGGGAGGAGGGGAAGGAGCAGCTGCTGGTGATCGACGGCATCGACTTCGACCCGCAGGCGA
 ACAACAAGTTCGACGTCGCCATCAACCTGCCCGCGGACAAGGCGCTGCAGGTGGGGCCGAG
 TACAAGGAGTACGCCGGGAGCTTCGCCGTCGTGCCGGGCTCCGGCGCCGGCGAGACGCGGAA
 GGGGAAGGTCTCCCTCTGCATCACCGACGTGCTGTACGACCTCGACGCGGAGGACGATAGCA
 CCGTCGACGTCGTTATCGTGCCGCGCACTGATGCAAAGGTGACGATCAACGTTGCCCCACC
 ATCAAGAACCGCAAGTAG

| # | Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|-----|-------------------------|-----------|---|-----------|----------|
| [+] | Tyrosinase super family | ci02830 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 586-894 | 2.17e-17 |
| [+] | PP01_KFDV | pfam12143 | Protein of unknown function (DUF_62219). This domain family is found in eukaryotes, and is ... | 1671-2024 | 1.54e-32 |
| [+] | PP01_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain. This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 1440-1607 | 6.92e-18 |
| [+] | Tyrosinase super family | ci02830 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 1197-1412 | 6.09e-12 |

>QPEU01249353.1 variedade SP80-3280 [CDS]

ATGGATGTGCGTGGCAACGTCCAAATCCAGACCGCTGCAATCTCTAGTCTCGTAGACATGAA
 CGGCTCCATGGCGAGCGCCTGCGCCACCTCCAGGCCCTCGTCCCGGCGCCCTCTGCATGCC
 CGTCCAAGAAGACCTCCGCCGCCAGATTCCGGCGCCGCACGTTCTCGTGCAGGGCTGCCGGC
 GGCGGCAGCGCGGCCGGGGCGACAATGAGGGCCTTCTGTGGCTGCCCGGCGTGACGTGAT
 GCTCAGCGCCTGAGCGGTGTGGCCGCCGGGCTCGCCTGGTACCCGGGCCTCGCGTCCGGAG
 CGGATTCGTCTTTCGCCGTGCACGACGGCGGACAAGGTGAACGAGAAGATCTTGCTGTGC
 GCGGACACGGACAAGCAGAAGCCCTGCCCTCTGGTGTGCCGGCGGCCCGGCGTGACTTCAC
 GCCGAAGGCAAGGTGACGCGCGTCCGGCAGCCGTGCATCTCCTGAGCCGGGAATACCAGG
 AGAAGTACAAGGAGGCCGTCGGGAAGATGAAGGCGCTGCCGGAGTCGAACCCGCTGAGCTTC
 AAGGCGCAGGCGGCCATCCACCAGGCCTACTGCGACAATACTACAAGTACCACAAGTCGTC
 CGGCTCGACGGTGGCCAAGGACGACCCGGCGTTCGACGTGCACTTCTCGTGGATCTTCGCGC
 CGTGGCACCGCATGTACATCTACTTCTACGAGCGTGCCCTCGGCGACCTCATCGGCGACAAA
 ACCTTCGCGCTGCCGTTCTGGAGCTGGGACGCGCCGGCCGATGGTGGTACCGGCTCTCTT
 CAAGGACGCCTTTGCCAACCCGCTGTACGACCCCAACCGGAACACGGTGAACCTCGACGCGC

```

TGGTTCGACCTAGACTACCTCCACGCAGACAAGGATGAGAAGGTGAATCCCATCGATTTCAAG
GGCCCAAAGGACGAAAAATATAAGGGACTTGTTAACAAGAACCTGTGCACCATATACAACCA
GGTGTGTGTACATATAACATACATACGTACATATAACAGTTACAGTATGTGAGGATGGCGCACA
CCGCCATGCACGTCTGGGTTCGGCAAGGCGAGCCCGACGTCTGGGTTCGTGCGACGCCGCCGGC
GGCGGGGTCTCTGAGCCACAAGGACGGCAAGTACAACGCAACAACGACATGGGGTTCTTAGG
GTCGGCGGGGAACGACCCGCTCTTCTACTCGCACCCTCCAACGTGGACCGCATGTGGCACC
TCTGGTCCACCAGGCTGGGCGGCGGGCAGGGCATCACGGACCCGACTGGCTCGACGCCAGT
TTCGTCTTCTACGACGACGTCAAGAGCCCGCGGAAGGTGCGCATCAAGTCCGCGACGTCTCT
GGACACGCGCGACCTCGGCTACACGTACGACCCTGAGTACGACAGGGACCTGCCGTGGCTGC
GCCCCAAGATCACGACGCTGGTGCCCCACGGCAAGGACAGCGGGCGCGCCGGCGAGGTCTGTCG
GCGGCGGCGCCGGTGTTCCTCGCTCGTCTGACAAAGGGCCAGGTCTGGAGGTGCCGGCCGT
GGCCGTGCCGTCCAGGGAGGAGGGGAAGGAGCAGCTGCTGGTGATCGACGGCATCGACTTCG
ACCCGCAGGCGAACAACAAGTTCGACGTCGCCATCAACCTGCCCGCGGACAAGGCGCTGCAG
GTGGGGCCGCAGTACAAGGAGTACGCCGGGAGCTTCGCCGTCTGTGCCGGGCTCCGGCGCCGG
CGAGACGCGGAAGGGGAAGGTCTCCCTCTGCATCACCGACGTGCTGTACGACCTCGACGCGG
AGGACGATAGCACCCTCGACGTCTTATCGTGCCGCGCACTGATGCAAAGGTGACGATCAAC
GTTCCGCCACCATCAAGAACCAGCAAGTAG

```

>QPEU01249353.1_Fujian variedades SP80-3280 [AA]

```

MDVRGNVQIQTAAISSLVDMNGSMASACATSRPLVPAPSACPSKKTSAARFRRRTFSCRAAG
GGSGGRDNEGLLWLP RRDVML SGLSGVAAGLAWYPGLASGADSSSSPCTTADKVNEKILLC
ADTDKQKPCPLVSPAAPVDFTPEGKVRVRVQPVHLLSREYQEKYKEAVGKMKALPE SNPLSF
KAQAAIHQAYCDNYYKYHKSSGSTVAKDDPAFDVHFSWIFAPWHRMYIYFYERALGDLIGDK
TFALPFWSDAPAGMVVPALFKDAFANPLYDPNRTVNLDALVDLDYLHADKDEKVNPIDFK
GPKDEKYKGLVKNLCTIYNQVCVHIHTYVHIQLQYVRMAHTAMHVWVGKASPTSGSCDAAG
GGVLSHKDGYKNCNDMGFLGSAGNDPLFYSHHSNVDRMWHLWSTRLGGGQGITDPDWLDAS
FVFYDDVKS PRKVRIKFRDVL DTRDLGYTYDPEYDRDLPWLRPKITTLVPHGKDSGAPARSS
AAAPVFPVLVLTGQVVEVPAVAVPSREEGKEQLLVIDGIDFDPQANNKFDVA INLPADKALQ
VGPQYKEYAGSFAVVP GSGAGETRKGKVS LCITDVLVLDLDAEDDSTVDVVI VPRTDKVTIN
VRPTIKNRK*

```

Conserved domains on [lcl|seqsig_MDRVG_80994cece9b64880081411d49bb7f56]

Local query sequence

Protein Classification
 tyrosinase family protein (domain architecture ID 10447092)
 tyrosinase family protein similar to chloroplastic polyphenol oxidase, chloroplastic (+)-larreatricin hydroxylase, and aureusidin synthase

Graphical summary Zoom to residue level [show extra options](#)

Query seq. 1 75 150 225 300 375 450 525 600 620

Specific hits
 Superfamilies

List of domain hits

| Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|----------------|-----------|---|----------|----------|
| [H] PPO1_KFDV | pfam12143 | Protein of unknown function (DUF_B2219). This domain family is found in eukaryotes, and is ... | 502-619 | 6.18e-34 |
| [H] Tyrosinase | pfam00284 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 183-415 | 3.89e-32 |
| [H] PPO1_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain. This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 425-480 | 3.75e-18 |

ShPPO9-QPEU01228276.1-Saccharum hybridum variedades SP80-3280

>QPEU01228276.1 variedades SP80-3280 [DNA]

```

ATGCCTGAAAGCTTTAGGCGCGAAGCAAAGTATATACTCCGTGTCTGGGCTATGGCAGGTAG
CAACGGCCCTCTGCTGCTCGCATTACGCATCGTCTCTTCTGCGCCCTCGCCTCTGCGGCCA
CCACCTTGCTCCCTCTCATCACAAGACCATGCGCTACTCCCTGCCAAGAACCATCCTCGCC
GCCACCGGCCTCGACCCTCACCTCATCTCTGCGCCGACGACGGCTCCAAGTCCAATGCCCA

```

CCTGTCTGGAAGGCGACGGAGGCAACAAGCCCCGCAGCGGCGGCAGGCCCATAGTCACCGACC
 TGCTGTCTGTCGGGCGAGCCCCGACCTCCCATCCCACGCGCTCCCGCCGTTCCGCTGCTGCCCG
 CCGGCGCCGGCGTCTACTCTCCCGTCGCCAACTTCACGTTCCCCGACCCAGGCGAGCCGCT
 CCGGACGCGGGCGCCGGCGCACGAGCCCCGGGACGGACAGCGTAGCCCCGGTACGCGCGCGCGG
 TGGCACTGATGAAGGCGCTGCCGGAGTCAGACCCGCGCAGCTTCTACCAGCAGGCTAACGTC
 CACTGCGCCTACTGCGCCGCCGCGTACCGGCAGGCGGGGACGCCGGAGCTGCCCGTGCAGAT
 CCACTACTCGTGGCTCTTCTTCCCATTTCCACCGCGCCTACCTCTACTTCTTCGAGCGCGTTCG
 CGGCGAGGCTCCTGGGGGACCCCGGCTTCGCCGTGCCGTTCTGGAGCTGGGACGTGCCCGAG
 GGGATGCGGGTGCCGCCGGAGTTCGCCGACGTGCGGTCCCGCTCTACGACCCGATGAGGAA
 CCCGGAGCACGCGCCGCCGAGACTCGTGGACCTCGACTTCTCGTACGTGGACAAGAATTGCA
 CCGACGAGCAGAAATCCAGCTCAACCTCCGCATCATGTATAAACAGATGGTCACCAACGCG
 CCGCTGCCGTCCCTCTTCCACGGGACGCCCTACCGCGCCGGCGACCGGGGGATGCCCGGTGC
 AGGAACGGTGGAGCTGAGCCCGCACAAACATAGTCCACCGATGGTCCGGCGACCTCTCGCGGG
 CCAACCACGAGAACATGGGCGCCTACTACTCCTCCGCCCGCGACCCCATCTTCTACCCGCAC
 CACGCCAACTCGGACCGCCTCTGGGAGGTCTGGCGCGGCGTCCGGCGCGGCCACGCGGACTT
 CACGGACCCCGACTGGCTCGACTCGTTCGTTCTACGACGAGGACGCGCGGCTCGTGC
 GAGTACCGTCCGCGACATGCTCGACGTGCGGAGGCTCCGGTACGCGTACGCCGAGGTGCGC
 CTGCCGTGGCTCAGCGCGCGGCCGCCATCGTCAACCCTGACGGCGACGTGAACCGCGGAAG
 AGGCGGCCCGACGCACCTGAAGTCCGTCCGTTCCCGGTGTCGCTCGATGCCCGGTTGACCG
 CGGAGGTGAGCCGGCGGCCGGGAAAGCCACGAGGGCAGTGGGAGGAGGTGCTGGTGGTTCGAG
 GGCATCGAGGGCGACAGCGCGGGCTTCGTCAAGTTCGACGTGTACGTGAACACACTGGATTA
 CGAGAAGGTGCGCCCCGGCGGTCCGGAGATGGCTGGAAGCTTCGTGTCCCTGAAGCACCCCG
 GCAAGGTGGTGGTGCAGACCAGCATGAGTGTGGCGTGAACGAGATTCTGGAGGATCTAGGC
 GCCGCTGGAGACGACAGCGTACGGTACGTTGGTGCCCGTGGAGGGTAGGGTCAGGATCGG
 AGGCCCTGAGGATAGCGTACATGGCGGAGTGA

NCBI Conserved Domains

Local query sequence: [lcl|seqsig_ATGCC_9d5c7cb7fc323d13c7af987c71444625]

Graphical summary: Zoom to residue level

RF +1

Specific hits: Tyrosinase, PP01_DWL, PP01_KFDV

Superfamilies: Tyrosinase superfamily, PP01_DWL superfamily, PP01_KFDV superfamily

List of domain hits

| # | Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|-----|------------|-----------|---|-----------|----------|
| [H] | PP01_KFDV | pfam12143 | Protein of unknown function (DUF_B2219); This domain family is found in eukaryotes, and is ... | 1396-1755 | 6.51e-36 |
| [H] | Tyrosinase | pfam00264 | Common central domain of tyrosinase; This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 529-1152 | 8.47e-33 |
| [H] | PP01_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain; This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 1174-1329 | 4.61e-26 |

>QPEU01228276.1 variedade SP80-3280 [CDS]

ATGCCTGAAAGCTTTAGGCGCGAAGCAAAGTATATACTCCGTGTCTGGGCTATGGCAGGTAG
 CAACGGCCCTCTGCTGCTCGCATTACGCATCGTCTCTTCTGCGCCCTCGCCTCTGCGGCCA
 CCACCTTGCTCCCTCTCATCACAAGACCATGCGCCTACTCCCTGCCAAGAACCATCCTCGCC
 GCCACCGGCCCTCGACCCTCACCTCATCTCCTGCGCCGACGACGGTCCAAGTCCAATGCCCA
 CCTGTCTGGAAGGCGACGGAGGCAACAAGCCCCGCAGCGGCGGCAGGCCCATAGTCACCGACC
 TGCTGTCTGTCGGGCGAGCCCCGACCTCCCATCCCACGCGCTCCCGCCGTTCCGCTGCTGCCCG
 CCGGCGCCGGCGTCTACTCTCCCGTCGCCAACTTCACGTTCCCCGACCCAGGCGAGCCGCT
 CCGGACGCGGGCGGCCGGCGCACGAGCCCCGGGACGGACAGCGTAGCCCCGGTACGCGCGCGCGG
 TGGCACTGATGAAGGCGCTGCCGGAGTCAGACCCGCGCAGCTTCTACCAGCAGGCTAACGTC
 CACTGCGCCTACTGCGCCGCCGCGTACCGGCAGGCGGGGACGCCGGAGCTGCCCGTGCAGAT
 CCACTACTCGTGGCTCTTCTTCCCATTTCCACCGCGCCTACCTCTACTTCTTCGAGCGCGTTCG

```

CGGCGAGGCTCCTGGGGGACCCCGGCTTCGCCGTGCCGTTCTGGAGCTGGGACGTGCCCGAG
GGGATGCGGGTGCCGCCGGAGTTCGCCGACGTCGCCGTCGCCGCTCTACGACCCGATGAGGAA
CCCGGAGCACGCGCCCGGAGACTCGTGGACCTCGACTTCTCGTACGTGGACAAGAATTGCA
CCGACGAGCAGCAAATCCAGCTCAACCTCCGCATCATGTATAAACAGATGGTCACCAACGCG
CCGCTGCCGTCCCTCTTCCACGGGCAGCCCTACCGCGCCGGCGACCGGGGGATGCCCGGTGC
AGGAACGGTGGAGCTGAGCCCGCACACATAGTCCACCGATGGTCCGGCGACCTCTCGCGGG
CCAACCACGAGAACATGGGCGCCTACTACTCCTCCGCCCGCGACCCCATCTTCTACCCGCAC
CACGCCAACTCGGACCGCCTCTGGGAGGTCTGGCGCGGCGTCGGCGGGCCACGCGGACTT
CACGGACCCCGACTGGCTCGACTCGTTCCTGTTCTACGACGAGGACGCGCGGCTCGTGC
GAGTCACCGTCCGCGACATGCTCGACGTCGGGAGGCTCCGGTACCGGTACGCCGAGGTGGC
CTGCCGTGGCTCAGCGCGCGGCCGCCATCGTACCCCTGACGGCGACGTGAACCGCGGAAG
AGGCGGCCCGACGCACCTGAAGTCCGTCCGTTCCCGGTGTCGCTCGATGCCGCGGTGACCG
CGGAGGTGAGCCGGCGGCCGGGAAAGCCACGAGGGCAGTGGGAGGAGGTGCTGGTGGTTCGAG
GGCATCGAGGGCGGACAGCGCGGGCTTCGTCAAGTTCGACGTGTACGTGAACACACTGGATTA
CGAGAAGGTGCGCCCCGGCGGTGCGGAGATGGCTGGAAGCTTCGTGTCCCTGAAGCACCCCG
GCAAGGTGGTGGTGCAGACCAGCATGAGTGTGGCGCTGAACGAGATTCTGGAGGATCTAGGC
GCCGCTGGAGACGACAGCGTACGGTACGTTGGTGCCCGTGGAGGGTAGGGTCAGGATCGG
AGGCCTGAGGATAGCGTACATGGCGGAGTGA

```



>QPEU01228276.1_Fujian variedade SP80-3280 [AA]

```

MPESFRREAKYILRVWAMAGSNGPLLLALRIVLFCALASAATLLPLITRPCAYSLPRTILA
ATGLDPHLISCADDGSKSNAHLSEGDGNGKPRSGRPIVTDLLSCGEPDLP SHALPPFRCCP
PAPASYS PVANFTFPDPGEPLRTRRPAHEPGTDSVARYARAVALMKALPESDPRS FYQQANV
HCAYCAAAYRQAGTPELPVQIHYSWLFFPFHRA YLYFFERVAARLLGD PGFVFPFWSWDVPE
GMRVPEFADVASPLYDPMRNPEHAPRLVDLDFS YVDKNCTDEQQIQ LNL RIMYKQMV TNA
PLPSLFHGQPYRAGDRGMPGAGTVELSPHNIVHRWSGDL SRANHENMGAYYSARDPIFYPH
HANS DRLWEVVRG VGGHADFTDPDWL DSSFLFYDE DARLVRVTVRDMLDVGRLRYAYAEVG
LPWLSARPP I VTPDGDVNRGRGGP THLKS VRFVSLDA AVTAEVSR RPKPRGQWEEVLVVE
GIEADSAGFVKFDVYVNTLDY EKVGP GGRE MAGSFVSLKHPGKV VVQTSMSVALNEILEDLG
AAGD DSVTVTLVPVEGRVRIGGLRIAYMAE*

```

Conserved Domains

Local query sequence: [cl|seqsig_MPE5F_5fa0fb7eca1657f57f5983dd4d157fa2]

Protein Classification
 tyrosinase family protein (domain architecture ID 10447092)
 tyrosinase family protein similar to chloroplastic polyphenol oxidase, chloroplastic (+)-larreatricin hydroxylase, and aureusidin synthase

Graphical summary [Zoom to residue level] [show extra options >]

Query seq. Specific hits Superfamilies

| # | Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|-----|------------|-----------|---|----------|----------|
| [H] | PP01_KFDV | pfam12143 | Protein of unknown function (DUF_82219): This domain family is found in eukaryotes, and is ... | 406-505 | 3.52e-37 |
| [H] | Tyrosinase | pfam00264 | Common central domain of tyrosinase: This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 177-384 | 7.64e-33 |
| [H] | PP01_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain: This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 392-443 | 3.63e-27 |

ShPPO10-QPEU01217937.1-Saccharum hybridum variedade SP80-3280

>QPEU01217937.1 variedade SP80-3280 [DNA]

ATGGCAGGTAGCAACGGCCCTCTGCTGCTCGCATTACGCATCGTCCTCTTCTGCGCCCTCGC
 CTCTGCGGCCACCACCTTGCTCCCTCTCATCACAAGACCATGCGCCTACTCCCTGCCAAGAA
 CCATCCTCGCCGCCACCGGCCTCGACCCTCACCTCATCTCCTGCGCCGACGACGGCTCCAAG
 TCCAATGCCACCTGTTCGGAAGGCGACGGAGGCAACAAGCCCCGCAGCGGGCGGAGGCCCAT
 AGTCACCGACCTGCTGTTCGTGCGGCGAGCCCGACCTCCCATCCCACGCGCTCCCGCCGTTCC
 GCTGCTGCCCCGCCGACGCCGGCGTCCGACGCTCCCGTCCACCACTTACAGTTCCCCGACCCA
 GGCGAGCCGCTCCGGACGCGGCGGCGGCACGAGCCAGCACGGACAGCGTAGCCCGGTA
 CGCGCGCGCGGTGGCGTGATGAAGGCGTGCCGGAGTCGGACCCACGCAGCTTCTACCAGC
 AGGCCAACGTCCACTGCGCCTACTGCGCCGCGGCGTACCGGCAGGCGGGGCGGCGGAGCTG
 CCCGTGCAGATCCACTACTCGTGGCTCTTCTTCCCGTTCACCCGCGCCTACCTCTACTTCTT
 CGAGCGCTGCGGCGAGGCTCCTGGGCGACCCCGGCTTCGCCGTGCCGTTCTGGAGCTGGG
 ACGTGCCGGAGGGAATGCGGGTGCCGCGGAGTTCACCGACGTCGCGTCCCGCTCTACGAC
 CCCATGAGGAACCCGGACCACGCGCCGCGGAGACTCGTCGACCTCGACTTCTCGTACGTGGA
 CAAGAAATGCACCGACGAGCAGCAAATCCAGCTCAACCTCCGCATCATGTATAAACAGATGG
 TCACCAACGCGCCGCTGCCGTCCCTCTTCCACGGGACGCCCTACCGCGCCGGCGACCGGGGG
 ATGCCCGGTGCAGGAACGGTGGAGCTGAGCCCGCACAAACATAGTCCACCGATGGTCCGGCGA
 CCTCTCGCGGGCCAACCACGAGAACATGGGCGCCTACTACTCCTCCGCCCGCGACCCCATCT
 TCTACCCGCACCACGCCAACTCGGACCGCTCTGGGAGGTCTGGCGGGCGTCCGGCGGGC
 CACGCGGACTTACGGACCCCGACTGGCTCGACTCGTTCCTGTTCTACGACGAGGACGC
 GCGGCTCGTGCGAGTACCGTCCGCGACATGCTCGACGTCGGGAGGCTCCGGTACGCGTACG
 CCGAGGTCCGCCCTGCCGTGGCTCAGCGCGCGGCGCCCATCGTCACCCCTGACGGCGACGTC
 AACCGCGGAAGAGGCGGCCCGACGCACCTGAAGTCCGTCCGCTTCCCGGTGTCGTCGATGC
 CGCGGTGACCGCGGATGTGAGCCGGCGGCGGGAAAGCCACGAGGGCAGTGGGAGGAGGTGC
 TGGTGGTTCGAGGGCATCGAGGCGGACGGCGGGGCTTCGTCAAGTTCGACGTGTACGTGAAC
 GCAGTGGATTACGAGAAGGTGGGCCCCGGCGGTGGGAGATGGCTGGAAGCTTCTGTGCCCT
 GAAGCACCCCGCAAGGTGGTGGTGCAGACCAGCATGAGGGTGGCGCTGAACGAGATTCTGG
 AGGATCTGGGCGCCGCTGGAGACGACAGCGTCACGGTGACGTTGGTGGCCGTGGAGGGTAGG
 GTCAGGATCGGAGGCCTGAGGATAGCGTACATGGCGGAGTGA

The image shows a screenshot of the NCBI Conserved Domains search interface. At the top, there's a navigation bar with 'NCBI' and 'Conserved Domains' highlighted. Below that, a search bar contains the sequence identifier 'lcl|seqsig_ATGGC_dbeac9e3d9c964049497997a4e4a00c8'. The main content area features a 'Graphical summary' showing a protein sequence with colored bars representing domains: Tyrosinase superfamily (green), PPO1_DWL superfamily (purple), and PPO1_KFDV superfamily (blue). Below the graphical summary is a 'List of domain hits' table.

| # | Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|-----|------------|-----------|---|-----------|----------|
| [+] | PPO1_KFDV | pfam12143 | Protein of unknown function (DUF_B2219); This domain family is found in eukaryotes, and is ... | 1345-1704 | 2.67e-37 |
| [+] | Tyrosinase | pfam00264 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 478-1101 | 1.23e-32 |
| [+] | PPO1_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain; This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 1123-1278 | 7.28e-26 |

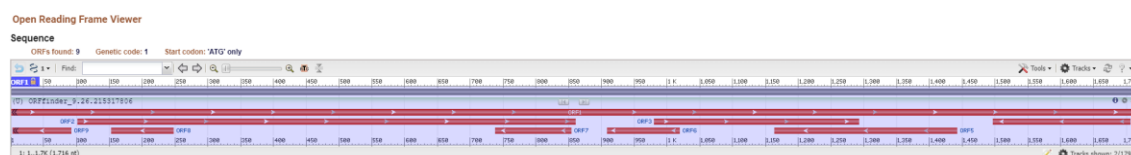
> QPEU01217937.1 variedade SP80-3280 [CDS]

ATGGCAGGTAGCAACGGCCCTCTGCTGCTCGCATTACGCATCGTCCTCTTCTGCGCCCTCGC
 CTCTGCGGCCACCACCTTGCTCCCTCTCATCACAAGACCATGCGCCTACTCCCTGCCAAGAA
 CCATCCTCGCCGCCACCGGCCTCGACCCTCACCTCATCTCCTGCGCCGACGACGGCTCCAAG
 TCCAATGCCACCTGTTCGGAAGGCGACGGAGGCAACAAGCCCCGCAGCGGGCGGAGGCCCAT
 AGTCACCGACCTGCTGTTCGTGCGGCGAGCCCGACCTCCCATCCCACGCGCTCCCGCCGTTCC
 GCTGCTGCCCCGCCGACGCCGGCGTCCGACGCTCCCGTCCACCACTTACAGTTCCCCGACCCA
 GGCGAGCCGCTCCGGACGCGGCGGCGGCACGAGCCAGCACGGACAGCGTAGCCCGGTA
 CGCGCGCGCGGTGGCGTGATGAAGGCGTGCCGGAGTCGGACCCACGCAGCTTCTACCAGC
 AGGCCAACGTCCACTGCGCCTACTGCGCCGCGGCGTACCGGCAGGCGGGGCGGCGGAGCTG
 CCCGTGCAGATCCACTACTCGTGGCTCTTCTTCCCGTTCACCCGCGCCTACCTCTACTTCTT

```

CGAGCGCGTTCGCGGCGAGGCTCCTGGGCGACCCCGGCTTCGCCGTGCCGTTCTGGAGCTGGG
ACGTGCCGGAGGGAATGCGGGTGCCGCCGAGTTCACCGACGTCGCGTCCCCGCTCTACGAC
CCCATGAGGAACCCGGACCACGCGCCGCCGAGACTCGTCGACCTCGACTTCTCGTACGTGGA
CAAGAAATGCACCGACGAGCAGCAAATCCAGCTCAACCTCCGCATCATGTATAAACAGATGG
TCACCAACGCGCCGCTGCCGTCCTCTTCCACGGGCAGCCCTACCGCGCCGGCGACCGGGGG
ATGCCCGGTGCAGGAACGGTGGAGCTGAGCCCGCACAAACATAGTCCACCGATGGTCCGGCGA
CCTCTCGCGGGCCAACCACGAGAACATGGGCGCCTACTACTCCTCCGCCCGCGACCCCATCT
TCTACCCGCACCACGCCAACTCGGACCGCCTCTGGGAGGTCTGGCGCGGCGTCCGGCGGGC
CACGCGGACTTCACGGACCCCGACTGGCTCGACTCGTTCCTGTTCTACGACGAGGACGC
GCGGCTCGTGCGAGTCACCGTCCGCGACATGCTCGACGTCGGGAGGCTCCGGTACGCGTACG
CCGAGGTCGGCTGCCGTGGCTCAGCGCGCGGCCGCCATCGTCACCCCTGACGGCGACGTG
AACC CGGGAAGAGGCGGCCCGACGCACCTGAAGTCCGTCCGCTCCCGGTGTGCTCGATGC
CGCGGTGACCGCGGATGTGAGCCGGCGGCCGGGAAAGCCACGAGGGCAGTGGGAGGAGGTGC
TGGTGGTTCGAGGGCATCGAGGCGGACGGCGCGGGCTTCGTCAAGTTCGACGTGTACGTGAAC
GCAGTGGATTACGAGAAGGTGGCCCCGGCGGTGGGAGATGGCTGGAAGCTTCGTGTCCCT
GAAGCACCCCGCAAGGTGGTGGTGCAGACCAGCATGAGGGTGGCGCTGAACGAGATTCTGG
AGGATCTGGGCGCCGCTGGAGACGACAGCGTCACGGTGACGTTGGTGCCCGTGGAGGGTAGG
GTCAGGATCGGAGGCCTGAGGATAGCGTACATGGCGGAGTGA

```

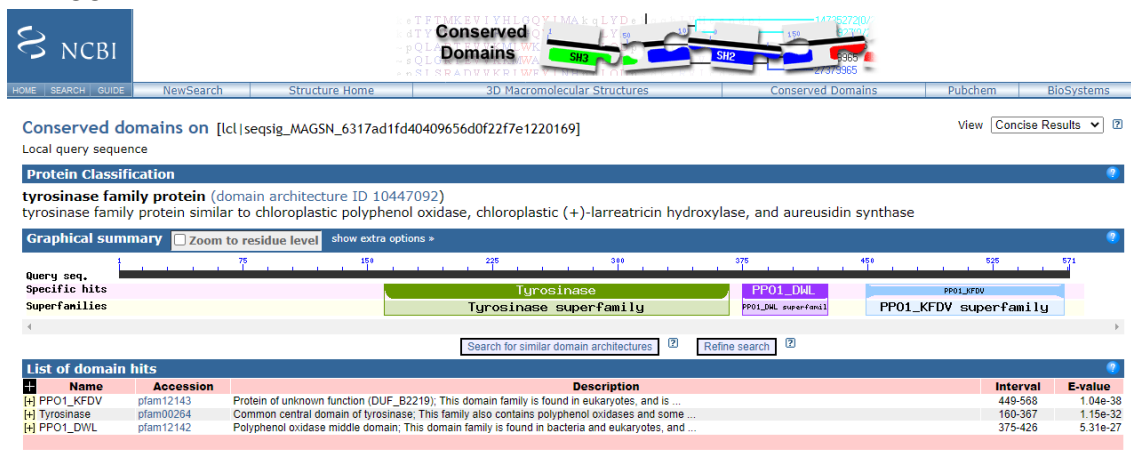


> QPEU01217937.1_Fujian variedade SP80-3280 [AA]

```

MAGSNGPLLLALRIVLFCALASAATLLPLITRPCAYSLPRTILAATGLDPHLISCADDGSK
SNAHLSEGDGGNKPRSGGRPIVTDLLSCGEPDLPSHALPPFRCCPPTPASDAPVTNFTFPDP
GEPLRTRRPAHEPSTDSVARYARAVALMKALPESDPRSIFYQQANVHCAYCAAAYRQAGRPEL
PVQIHYSWLFPPFHRAFLYFFERVAARLLGDPGFVFPFWSWDVPEGMVRVPEFTDVASPLYD
PMRNPDHAPPRLVDLDFSVDKKTDEQQIQLNLRIMYKQMVNAPLPSLFHGQPYRAGDRG
MPGAGTVELSPHNIVHRWSGDLSTRANHENMGAYSSARDPIFYPHANSRDLWEVVRGVGGG
HADFTDPDWLDSFLFYDEDARLVRVTVRDMLDVGRRLRYAYAEVGLPWLSARPPIVTPDGDV
NRGRGGPHTLKSVRFPVSLDAAVTADVSRRPGKPRGQWEEVLVVEGIEADGAGFVKFDVYVN
AVDYEKVGPGRMAGSFVSLKHGKVVVQTSMRVALNEILEDLGAAGDSDVTVTLPVVEGR
VRIGGLRIAYMAE*

```



ShPPO11-QPEU01259162.1-Saccharum hybridum variedade SP80-3280

>QPEU01259162.1 variedade SP80-3280 [DNA]

```

AGTCCACACTTCCACTATATATACTGGCCTTGGGCGTTCGATGGATGTGCGTGGCAACGTACA
AATCCAGACCGCTGCAATCTCTAGTCTCGTAGACATGAACGGCTCCATGGCGAGCGCCTGCG
CCACCTCCAGGCCCTCGTCCCGGCGCCCTCTGCATGCCCGTCCAAGAAGACCTCCGCCGCC
AGATTCCGGCGCCGCACGTTCTCGTGCAGGGCTACCGGCGGCGGCCGGGGCGACAATGACGG
CCTTCTGTGGCTGCCCGGCGTGACGTGATGCTCAGCGCCCTGAGCGGTGTGGCCGCCGGGC
TCGCCTGGTACCCGGGCTCGCGTCCGGCGCGGATTCGTCTCTTCGCCGTGCACGACGGCG
GACAAGGTGAACGAGAAGATCTTGCAGTGCACGGACACGAGCAAGCAGAAGCCGTGCCCTCT
GGTGTGCGCCGACGGCCCCCGTCTGACTTCACGCCTGAAGGCAAGGTGACGCGCGTCCGGCAGC
CGGTGCATCTCCTGAGCCGGGAAAACCAGGAGAAGTACAAGGAGGCCGTCGGGAAGATGAAG
GCGCTGCCGGAGTCGAACCCGCTGAGCTTCAAGGCGCAGGCGGCCATCCACCAGGCCTACTG
CGACAGCTACTACAAGTACCACCGGTCGTGCGCGGCGAAGGACGACGTGACCCGCCCTTCG
ACGTGCACTTCTCGTGGATCTTTCGCGCCGTGGCACCGCATGTACATCTACTTCTACGAGCGC
GCCCTCGGCGACCTCATCGGCGACAAAACCTTCGCGCTACCGTTCTGGAGCTGGGACGCGCC
GGCCGGCATGGTGGTGCCGGCTCTCTTCAAGGACGCCTTTGCCAACCCGCTGTACGACCCCT
ACCGGAACACCGTGAACCTCGACGCGCTGGTCGACCTAGACTACCTCCACGCAGACCAGGAT
GAAAAGGCGAATCCCATCGATTTCAAGGGCCCAAAGGACGAAAAATACAAGGAACCTTGTTAA
CAAGAACCTGTGCACCATATACAACCAGGTGTGTGTACATATAACATAACGTACATATAC
AGTTACAGTATGTGAGGTAATTAACCACCTTTGGCTTCATGCATTTTGACGGAACCTGGTGGT
AGCAAGTACGTAAGGGCCCGGAGTCGTTCTGGGCGAGAAGTACTGCACCGACATCGACGGC
AGCAGCAGCGGGGTTTCGCTGGAGCGGATGGCGCACACCGCCATGCACGTCTGGGTCCGCAA
GGCGAGCCCGACGTCTGGGTCTGCGACGCCGCCCGCGCGGCGTCTGAGCCACAAGGACG
GCGCGTACAAGTACAACGCAACAACGACATGGGGTTCTTAGGGTCCGGCGGGGAACGACCCG
CTCTTCTACTCGCACCCTCCAACGTGGACCGCATGTGGCACCTCTGGTCCACCAGGCTGGG
AGGCGGGCAGGGCATCACGGACCCGGACTGGCTCGACGCCAGTTTTCGTCTTCTACGACGACG
TCAAGAGCCCGCGGAAGGTGCGCATCAAGTTCGCGGACGTCTTGACACGCGCGACCTCGGC
TACACGTACGACCCCGAGTACGACAGGGACCTGCCGTGGCTGCGCCCCAAGATCACGACGCT
GGTCCCCACGGCAAGGACAGCGGCGCGCCGGCGAGGTCGTGCGCGGCGGCGCCGGTGTTC
CGCTCGCCCTACCAAGGGCCAGGTCTGGAGGTGCCGGCCGTGGCTGTGCCGGCCAGGGAG
GCGGGGAAGGAGCAGCTGCTGGTCAATCGACGGCATCGAGTTCGACCCGCAGGCGAACAACA
GTTTCGACGTGCCATCAACTTGCCC GCGGACAAGGCGTTGCAGGTGGGGCCGCAGTACAAGG
AGTACGCCGGGAGCTTCGCCGTGGTGCCGGGCTCCGGCGCCGGCGAGACGCAGAAGGGGAAG
GTGTCCCTCTGCATCACCGACGTGCTGTACGACCTCGACGCTGAGAACGATAGCACCGTCA
CGTCGTTATCGTGCCGCGCACAGCTGCCAAGGTGACGATCAACGTTCCGCCCTACCATCAAGA
ATCGCAAGTAG

```

NCBI

Conserved Domains

Conserved domains on [cl|seqsig_AGTCC_4aceca885c789338b77919da05d5eeef] View [Concise Results](#)

Local query sequence

Graphical summary Zoom to residue level [show extra options](#)

RF #1 Superfamilies

RF #3 Specific hits Superfamilies

Search for similar domain architectures Refine search

List of domain hits

| # | Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|-----|-------------------------|-----------|---|-----------|----------|
| [+] | Tyrosinase super family | cl02830 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 577-832 | 1.05e-15 |
| [+] | PP01_KFDV | pfam12143 | Protein of unknown function (DUF_B2119). This domain family is found in eukaryotes, and is ... | 1671-2024 | 2.01e-31 |
| [+] | PP01_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain. This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 1440-1607 | 3.60e-18 |
| [+] | Tyrosinase super family | cl02830 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 1191-1412 | 1.06e-11 |

References:

>QPEU01259162.1 variedade SP80-3280 [CDS]

ATGGATGTGCGTGGCAACGTACAAATCCAGACCGCTGCAATCTCTAGTCTCGTAGACATGAA
 CGGCTCCATGGCGAGCGCCTGCGCCACCTCCAGGCCCTCGTCCCGGCGCCCTCTGCATGCC
 CGTCCAAGAAGACCTCCGCCGCCAGATTCCGGCGCCGCACGTTCTCGTGCAGGGCTACCGGC
 GGCGGCCGGGGCGACAATGACGGCCTTCTGTGGCTGCCCGGGCGTGACGTGATGCTCAGCGG
 CCTGAGCGGTGTGGCCGCCGGGCTCGCCTGGTACCCGGGCTCGCGTCCGGCGCGGATTCGT
 CGTCTTCGCCGTGCACGACGGCGGACAAGGTGAACGAGAAGATCTTGCAGTGCACGGACACG
 AGCAAGCAGAAGCCGTGCCCTCTGGTGTGCGCGACGGCCCCGTCGACTTCACGCCTGAAGG
 CAAGGTGACGCGCGTCCGGCAGCCGGTGCATCTCCTGAGCCGGGAAAACCAGGAGAAGTACA
 AGGAGGCCGTGGGAAGATGAAGGCGCTGCCGGAGTCGAACCCGCTGAGCTTCAAGGCGCAG
 GCGGCCATCCACCAGGCCTACTGCGACAGCTACTACAAGTACCACCGGTCGTCGGCGGGCAA
 GGACGACGTGACCGCCCCTTCGACGTGCACTTCTCGTGGATCTTCGCGCCGTGGCACCAGCA
 TGTACATCTACTTCTACGAGCGCGCCCTCGGCGACCTCATCGGCGACAAAACCTTCGCGCTA
 CCGTTCGAGGCTGGGACGCGCCGGCCGGCATGGTGGTGCCGGCTCTCTTCAAGGACGCCTT
 TGCCAACCCGCTGTACGACCCCTACCGGAACACCGTGAACCTCGACGCGCTGGTCGACCTAG
 ACTACCTCCACGCAGACCAGGATGAAAAGGCGAATCCCATCGATTTCAAGGGCCCAAAGGAC
 GAAAAATACAAGGAAGTGTGTTAACAAGAAGCTGTGCACCATATAACAACCAGGTGTGTGTACA
 TATACATACATACGTACATATACAGTTACAGTATGTGAGGATGGCGCACACCGCCATGCACG
 TCTGGGTTCGGCAAGGCGAGCCCGACGTCTGGGTCTGCGACGCGCCCGCCGGCGGCGTCCTG
 AGCCACAAGGACGGCGCGTACAAGTACAAGTGAACAACGACATGGGGTTCCTAGGGTTCGGC
 GGGGAACGACCCGCTCTTCTACTCGCACCCTCCAACGTGGACCGCATGTGGCACCTCTGGT
 CCACCAGGCTGGGAGGCGGGCAGGGCATCACGGACCCGGACTGGCTCGACGCCAGTTTCGTC
 TTCTACGACGACGTCAAGAGCCC GCGGAAGGTGCGCATCAAGTTCGCGACGTCCTGGACAC
 GCGCGACCTCGGCTACACGTACGACCCCGAGTACGACAGGGACCTGCCGTGGCTGCGCCCA
 AGATCACGACGCTGGTGCCCCACGGCAAGGACAGCGGCGCGCCGGCGAGGTCGTCGGCGGCG
 GCGCCGGTGTTCGCGCTCGCCCTACCAAGGGCCAGGTCGTGGAGGTGCCGGCCGTGGCTGT
 GCCGGCCAGGAGGCGGGGAAGGAGCAGCTGCTGGTCATCGACGGCATCGAGTTCGACCCGC
 AGGCGAACAACAAGTTCGACGTGCCATCAACTTGCCCGCGGACAAGGCGTTGCAGGTGGGG
 CCGCAGTACAAGGAGTACGCCGGGAGCTTCGCCGTGGTGCCGGGCTCCGGCGCCGGCGAGAC
 GCAGAAGGGGAAGGTGTCCCTCTGCATCACCGACGTGCTGTACGACCTCGACGCTGAGAACG
 ATAGCACCGTCGACGTCGTTATCGTGCCGCGCACAGCTGCCAAGGTGACGATCAACGTTCCG
 CCTACCATCAAGAATCGCAAGTAG

Open Reading Frame Viewer

Sequence



>QPEU01259162.1_Fujian varietade SP80-3280 [AA]

MDVRGNVQIQTAAISSLVDMNGSMASACATSRPLVPAPSACPSKKTSAARFRRRTFSCRATG
 GGRGDNDGLLWLP RRDVMLSLGSLGVAAGLAWYPGLASGADSSSSPCTTADKVNEKILQCTDT
 SKQKPCPLVSPTAPVDFTPEGKVTRVRQPVHLLSRENQEKYKEAVGKMKALPESNPLSFKAQ
 AAIHQAYCDSYKYHRSSAAKDDVDRPFDVHFSWIFAPWHRMYIYFYERALGLDGLGDKTFAL
 PFWSWDAPAGMVVPALFKDAFANPLYDPYRNTVNLDALVDLDYLDYHADQDEKANPIDFKGPKD
 EKYKELVNKNLCTIYNQVCVHIHTYVHIQLQYVRMAHTAMHVWVGKASPTSGSCDAAAGGVL
 SHKDGAYKYNCNNDMGFLGSAGNDPLFYSHHSNVDRMWHLWSTRLGGGQGITDPDWLDASFV
 FYDDVKS PRKVRKFRDVLDT RDLDGTYDPEYDRDL PWLRPKITTLVPHGKDSGAPARSSAA
 APVFPLALTKGQVVEVP AVAVPAREAGKEQLLVIDGIEFDPQANNKFDVAINLPADKALQVG
 PQYKEYAGSFAVVP GSGAGETQKGKVS LCITDVLYDLDAENDSTVDVVIVPRTAAKVTINVR
 PTIKNRK*

NCBI

Conserved Domains

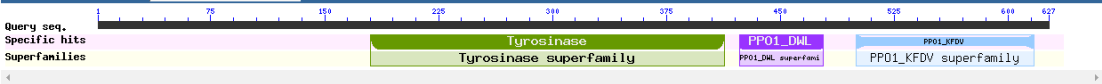
Conserved domains on [lcl|seqsig_MDVRG_cff5d6d9a05945b121436b898d2e0562]

Local query sequence

Protein Classification

tyrosinase family protein (domain architecture ID 10447092)
 tyrosinase family protein similar to chloroplastic polyphenol oxidase, chloroplastic (+)-larrea-tricin hydroxylase, and aureusidin synthase

Graphical summary Zoom to residue level [show extra options >](#)

Query seq. 

Specific hits

Superfamilies

[Search for similar domain architectures](#) [Refine search](#)

| # | Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|-----|------------|-----------|---|----------|----------|
| [H] | PPO1_KFDV | pfam12143 | Protein of unknown function (DUF_B2219). This domain family is found in eukaryotes, and is ... | 500-617 | 2.41e-32 |
| [H] | Tyrosinase | pfam00264 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 180-413 | 7.71e-32 |
| [H] | PPO1_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain; This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 423-478 | 2.48e-18 |

ShPPO12-QPEU01257677.1-Saccharum hybridum variedad SP80-3280

>QPEU01257677.1 variedad SP80-3280 [DNA]

```

ATGAACGGCTCCATGGCGAGCGCCTGCGCCACCTCCAGCCCCCTCGTCTCGGCGCCCTCTGC
ATGCCCGTCCAAGAAGACCTCCGCCGCCAGGTTCCGGCGCCGCACGTTCTCGTGCAGGGCCA
CCGGCGGCGGAGGGCGGCGGCCGGGGCAACAATGATGGCTTCCTGTGGCTGCCTCGGCGGGAC
GTGATGCTCAGCGGCTGAGCGGTGTCGCCGCCGGGCTCGCCTGGTACCCGGGCCTCGCGTC
CGGTGCGGATTCGTCTCTTCGCCGTGCACGACGGCGGACAAGGTGAACGAGAAGATCTTGC
TGTGCGCGGACACGGACAAGCAGAAGCCCTGCCCTCTTGTGTGCGCCGGCGGCCCCCGTGGAC
TTCACGCCGGAAGGCAAGGTGACGCGCGTCCGGCAGCCCGTGCATCTCCTGAGCCGGGAATA
CCAGGAGAAGTACAAGGAGGCCGTCGGGAAGATGAAGGCGCTGCCGGAGTCAATCCGCTGA
GCTTCAAGGCGCAGGCGGCCATCCACCAGGCCTACTGCGACAGCTACTACAAGTACCACCGG
TCGTGCGCGGCGAAGGACGACGTCGACCGCCCTTCGACGTGCACTTCTCGTGGATCTTCGC
GCCGTGGCACCGCATGTACATCTACTTCTACGAGCGCGCCCTCGGCGACCTCATCGGCGACA
AAACCTTCGCGCTACCGTTCTGGAGCTGGGACGCGCCGGCCGGCATGGTGGTGCCGGCTCTC
TTCAAGGACGCCTTTGCCAACCCGCTGTACGACCCCAACCGGAACACGGTGAACCTCGACGC
GCTGGTCGACCTAGACTACCTCCACGCAGACCAGGATGAAAAGGCGAATCCCATCGATTTCA
AGGGCCCAAAGGACGAAAAATACAAGGAAC TTGTTAACAAGAACCTGTGCACCATATAACAAC
CAGGTGTGTGTACATATAACATACATACGTACATATAACAGTTACAGTATGTGAGGTAATTAAC
CACATTTGGCTTCATGCATTTTGGACGGAAC TGGTGGTAGCAAGTACGTAAGGGCCCGGAGTC
GTTCTTGGGCGAGAAGTACTGCACCGACATCGACGGCAGCAGCAGCGCGGGTTTCGTGGAGC
GGATGGCGCACACCGCCATGCACGTCTGGGTTCGGCAAGGCGAGCCCGACGTCTGGGTCTGTC
GACGCCGCCCGCGGCGGCGTCTTGAGCCACAAGGACGGCGCGTACAAGTACAAC TGCAACAA
CGACATGGGGTTCTTAGGGTCGGCGGGGAACGACCCGCTCTTCTACTCGCACCACTCCAACG
TGGACCGCATGTGGCACCTCTGGTCCACCAGGCTGGGAGGCGGGCAGGGCATCACGGACCCG
GACTGGCTCGACGCCAGTTTCTGTCTTCTACGACGACGTCAAGAGCCCGCGGAAGGTGCGCAT
CAAGTTCGCGACGTCTTGACACGCGCGACCTCGGCTACACGTACGACCCCGAGTACGACA
AGGACCTGCCGTGGCTGCGCCCCAAGATCACGACGCTGGTGCCCCACGGCAAGGACAGCGGC
GCGCCGCGGAGGTCGTGCGCGGCGGCGCCGGTGTTCGCGCTCGCCCTCACCAAGGGCCAGGT
CGTGGAGGTGCCGGCCGTGGCTGTGCCGGCCAGGAGGCGGGGAAGGAGCAGCTGCTGGTCA
TCGACGGCATCGAGTTCGACCCCGCAGGCGAACAACAAGTTCGACGTCGCCATCAACTTGCCC
GCGGACAAGGCGTTGCAGGTGGGGCCGACGTACAAGGAGTACGCCGGGAGCTTCGCCGTGGT
GCCGGGCTCCGGCGCCGGCGAGACGCGAGAAGGGGAAGGTGTCCCTCTGCATCACCGACGTGC
TGTACGACCTCGACGCTGAGAACGATAGCACCGTTCGACGTCGTTATCGTGCCGCGCACAGCT
GCCAAGGTGACGATCAACGTTCGCCCTACCATCAAGAATCGCAAGTAG

```

Conserved domains on [lcl|seqsig_ATGAA_3915251afd1eccca770c96c324fac2]

Local query sequence

Graphical summary Zoom to residue level [show extra options](#)

RF #1 Superfamilies: Tyrosinase

RF #3 Specific hits: PPO1_DWL, PPO1_KFDV

Superfamilies: Tyrosinase, PPO1_DWL superfam, PPO1_KFDV superfamily

| Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|-------------------------|-----------|---|-----------|----------|
| Tyrosinase super family | cl02830 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 490-795 | 6.27e-18 |
| PPO1_KFDV | pfam12143 | Protein of unknown function (DUF_B2219). This domain family is found in eukaryotes, and is ... | 1584-1937 | 2.09e-31 |
| PPO1_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain. This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 1353-1520 | 1.69e-18 |
| Tyrosinase super family | cl02830 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 1104-1325 | 8.34e-12 |

>QPEU01257677.1 variedade SP80-3280 [CDS]

```

ATGAACGGCTCCATGGCGAGCGCCTGCGCCACCTCCAGCCCCCTCGTCTCGGCGCCCTCTGC
ATGCCCGTCCAAGAAGACCTCCGCCGCCAGGTTCCGGCGCCGCACGTTCTCGTGCAGGGCCA
CCGGCGGCGGAGGCGGCGGCCGGCAACAATGATGGCTTCTGTGGCTGCCCTCGGCGGGAC
GTGATGCTCAGCGGCCTGAGCGGTGTCGCCCGCGGGCTCGCCTGGTACCCGGGCCTCGCGTC
CGGTGCGGATTCGTCTCTTCGCCGTGCACGACGGCGGACAAGGTGAACGAGAAGATCTTGC
TGTGCGCGGACACGGACAAGCAGAAGCCCTGCCCTCTTGTGTGTCGCCGGCGGCCCCCGTGGAC
TTCACGCCGGAAGGCAAGGTGACGCGCTCCGGCAGCCCGTGCATCTCCTGAGCCGGGAATA
CCAGGAGAAGTACAAGGAGGCGTCCGGAAAGATGAAGGCGCTGCCGGAGTGAATCCGCTGA
GCTTCAAGGCGCAGGCGGCCATCCACCAGGCCTACTGCGACAGCTACTACAAGTACCACGG
TCGTGCGCGGCGAAGGACGACGTCGACCGCCCTTCGACGTGCACTTCTCGTGGATCTTCGC
GCCGTGGCACC GCATGTACATCTACTTCTACGAGCGCGCCCTCGGCGACCTCATCGGCGACA
AAACCTTCGCGCTACCGTTCTGGAGCTGGGACGCGCCGGCCGGCATGGTGGTGCCGGCTCTC
TTCAAGGACGCCTTTGCCAACCCGCTGTACGACCCCAACCGGAACACGGTGAACCTCGACGC
GCTGGTCGACCTAGACTACCTCCACGCAGACCAGGATGAAAAGGCGAATCCCATCGATTTCA
AGGGCCCAAAGGACGAAAATAACAAGGAACCTGTTAACAAGAACCTGTGCACCATATAACA
CAGGTGTGTGTACATATAACATACATACGTACATATAAGTTACAGTATGTGAGGATGGCGCA
CACCGCCATGCACGCTCGGGTCGGCAAGGCGAGCCCGACGTCCTGGGTGCTGCGACGCCGCCG
CCGGCGGCGTCTGAGCCACAAGGACGGCGGTACAAGTACAAGTCAACAACGACATGGGG
TTCCTAGGGTCGGCGGGGAACGACCCGCTCTTCTACTCGCACCACTCCAACGTGGACCGCAT
GTGGCACCTCTGGTCCACCAGGCTGGGAGGCGGGCAGGGCATCACGACCCGGACTGGCTCG
ACGCCAGTTTCGTCTTCTACGACGACGTCAGAGCCCGCGGAAGGTGCGCATCAAGTTCCGC
GACGTCCTGGACACGCGCGACCTCGGCTACACGTACGACCCCGAGTACGACAAGGACCTGCC
GTGGCTGCGCCCAAGATCACGACGCTGGTGCCCGACGGCAAGGACAGCGGCGCGCCGGCGA
GGTCGTGCGCGGCGGCGCCGGTGTTCGCTCGCCCTACCAAGGGCCAGGTGCTGGAGGTG
CCGGCCGTGGCTGTGCCGGCCAGGGAGGCGGGGAAGGAGCAGCTGCTGGTTCATCGACGGCAT
CGAGTTCGACCCCGAGGCGAACAACAAGTTCGACGTCGCCATCAACTTGCCCGGGACAAG
CGTTGCAGGTGGGGCCGAGTACAAGGAGTACGCCGGGAGCTTCGCCGTGGTGCCGGGCTCC
GGCGCCGGCGAGACGCAAGGGGAAGGTGTCCCTCTGCATCACCGACGTGCTGTACGACCT
CGACGCTGAGAACGATAGCACCGTCGACGCTGTTATCGTGCCGCGCACAGCTGCCAAGGTGA
CGATCAACGTTCCGCCCTACCATCAAGAATCGCAAGTAG
    
```

Sequence

ORFs found: 10 Genetic code: 1 Start codon: ATG only

ORFZindex_9_2719054930

>QPEU01257677.1_Fujian variedade SP80-3280 [AA]

MNGSMASACATSSPLVSAPSACPSKKTSAARFRRRTFSCRATGGGGGGGRNNDGFLWLPRRD
 VMLSGLSGVAAGLAWYPGLASGADSSSSPCTTADKVNEKILLCADTDKQKPCPLVSPAAPVD
 FTPEGKVTTRVRQPVHLLSREYQEKYKEAVGKMKALPESNPLSFKAQAAIHQAYCDSYYKYHR
 SSAAKDDVDRPFDVHFSWIFAPWHRMYIYFYERALGDLIGDKTFALPFWSWDAPAGMVVPAL
 FKDAFANPLYDPNRTVNLDALVDLDYLHADQDEKANPIDFKGPKDEKYKELVNKNLCTIYN
 QVCVHIHTYVHIQLQYVRMAHTAMHVWVGASPTSGSCDAAAGVLSHKDGAYKYNCNNDMG
 FLGSAGNDPLFYSHHSNVDRMWHLWSTRLGGGQGITDPDWLDASFVYDDVKS PRKVR I KFR
 DVLDTRDLGYTYDPEYDKDLPWLRPKITTLVPHGKDSGAPARSSAAAPVFPLALTKGQVVEV
 PAVAVPAREAGKEQLLVIDGIEFDPQANNKFDAINLPADKALQVGPQYKEYAGSFAVVPGS
 GAGETQKGKVS LCITDVLVYDLDAENDSTVDVVI VPR TAAKVT INVRPT I KNRK *

NCBI

Conserved Domains

Local query sequence

View [Concise Results]

Protein Classification

tyrosinase family protein (domain architecture ID 10447092)
 tyrosinase family protein similar to chloroplastic polyphenol oxidase, chloroplastic (+)-larreatricin hydroxylase, and aureusidin synthase

Graphical summary Zoom to residue level [show extra options](#)

Query seq. Specific hits Superfamilies

Tyrosinase superfamily PPO1_DWL superfamily PPO1_KFDV superfamily

List of domain hits

| Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|----------------|-----------|---|----------|----------|
| [H] Tyrosinase | pfam00264 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 164-397 | 1.85e-32 |
| [H] PPO1_KFDV | pfam12143 | Protein of unknown function (DUF_B2219); This domain family is found in eukaryotes, and is ... | 484-601 | 2.25e-32 |
| [H] PPO1_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain. This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 407-462 | 1.40e-18 |

ShPPO13-QPEU01346849.1-Saccharum hybridum variedade SP80-3280

>QPEU01346849.1 variedade SP80-3280 [DNA]

ATGGAGCGAGCAACCAGGCCAGTAATTGGCTCGCATGTATGCCACGCAGTGCACACTTCCA
 CTATATATATACTGGCTTTGGGCATGGATGGATGTGTGTGGCAACGTCCAAATCCAGACCAC
 TGCTATCTCGTAGTCTCGTAGACATGAACGGCTCCATGGCGAGCGCCTGCGCCACCTCCAGC
 CCCCTCGTCTCGGCGCCCTCTGCATGCCCGTCCAAGAAGACCGCCGCTGCCAGGTTCCGGCG
 CCGCACGGTGTCTGCAGGGCCACCGGCGGCGGCAGCGGCCGGGGCGACAATGACGGCCTCC
 TCTGGCTGCCCGGCGCGACACGATGCTCAACGGCCTGTCCGGTGTGCGCCGCGGGCTGGCC
 TGGTACCGGGCCTCGCGGATGCTGCCGAGTGCACCGGGCCGACAAGGTGAACGAGAACAC
 CGTGCAGTGCACGGACACGGAAGGGTGTGCGCGTGCCTCTGGTGTGCGGCACGGCCCCG
 TGGTGGACTTCACGCCGGAGGGCAAGGTGACGCGCTTCCGGCAGCCGGTGCATCTCCTGAGC
 CGGGAATACCAGGAGAAGTACAAGGAGGCCCTCGCAAAGATGAAGGCGCTGCCGAGTGCAG
 CCCGCTGAGCTTCAAGGCGCAGGCGGCCATCCACCAGGCCACTGCGACAGCTACTACAGCT
 ACCACCGGTCTGTCGGCGGCGAAGGACGACGTGGACCCAGCGTTCGACGTGCACTTCTCGTGG
 ATCTTCGCGCCGTGGCACC GCATGTACATCTACTTCTACGAGCGCGCCCTCGGGCAGCTCAT
 CGGCGACGACACCTTCGCGCTGCCGTTCTGGAAGTGGGACGCCCCGCGGCATGGTGGTGC
 CGCCTCTCTTACGCGAGGGCTCCACGGCCAGCAACCCGCTGTACGACGCCAACC GGAACCCG
 GCGAACCTCGACGCGCTGATCGACCTAGACTACCTCAACGACCAGGATGCGGAGCCCATCCC
 TTTCAAGGGCCCAAAGGACGAAAAATACAAGAAACGTTAACAAGAACCTGAGCACCGTATAC
 AACCAGGTGTGTACATGTACACAGACATAACATACGTACTCCGCCGCGTACAGTATGCTGTAT
 GTGAGCTAACCACATTTTCGTTTTTATTTTGACAGCAAGTAGGTAAGGGCGCGGAGTTCGTTCC
 GGGCGAGAAGTACTGCACCGACCTCGGGTCAAGCACGAGCAGCGCGGGTTCGCTGGAGCAGA
 TGGCGCACACCGCCGTGCACGTCTGGCTCGGCAAGGCGGGGCCGACGCTGCGACGGCGACT
 TGGGCGAAGCTTCCGGCGGCGTCCCGAACCACTCCTCAGGCGGGTACAAC TGAACAACGA
 CATGGGGTTCCTGGGGTTCGGCGGGGAACGACCCGCTCTTCTACTCGCACCACTCCAACGTGG

ACCGCATGTGGCACCTCTGGTCCACCAGGCTCGGCGGCGGGCAGGGCATCACGGACACGGAC
 TGGCTGGACGCCAGCTTTCGTCTTCTACGACGACGTCGAGAGCCCGCGGAAGGTGCGCATCAG
 GTTCCGCGACGTCCTGGACACGCGCGACCTCGGCTACACGTACGACGCCGAGGCCGACAAGG
 ACCTGCCGTGGCTGCGCCCCAAGATCACGTCGCTGGTGCCCCACGGCACGGACAGCGGGCGCG
 ACGACGGCGAGGTCGTCGGCGGCGGGCGCCGGTGTTCGGCTCGCCCTGACCAAGGGCCAGGT
 CGTGGAGGTGCCGGCCGTAGCTGTGCCGGCCAGGGAGGCGGGGAAGGAGCAGCTGCTGGTGA
 TCGACGGCATCGAGTTCGACCCCCAGGCGAACAACAAGTTCGACGTCGCCATCAACGTGCC
 GCGACAAGGCATTGTTGGTGGGGCCGACGTACAAGGAGTACGCCGGGAGCTTCGCCGTCGT
 GCCGGGCTCCGGCGCCGGCGGGACGCGGAAGGGGAAGGTCTCCCTCTGCATCACCGACGTGC
 TGTACGATCTCGACTCTCAGGACGATAGCATCGTCGACGTCGTTATCGTGCCGCGCACAGCT
 GCCAAGGTGACGCTCAACGTTCCGCCACCATCAAGAATCGAACTAGTAGCTTAGCTGCTG
 CTGCTAGTGCTCAAGCACCGTACGTATGTACTCGATTCTGTGGTCATTCATGGACCATCGTT
 TCATGCTGTCATGCACAGCGCGCACCGGTAGGGTGTCCGCGAGAATAAACGTATTTATTGTG
 TACCAGCTGATTGCATCGTGCGTTGTACTCCCGGGGGAATTATAAGGCATTCCAAGAGTCG
 AAGCATTTTAAGTTTAACTAAATTGTAA

NCBI Conserved Domains

Local query sequence [lcl|seqsig_ATGGA_385d5cad66dd43f4759f9e33caed201]

Graphical summary Zoom to residue level show extra options >

RF #1

Specific hits

Superfamilies

Tyrosinase
Tyrosinase superfamily

PP01_DWL
PP01_DWL superfamily

PP01_KFDV
PP01_KFDV superfamily

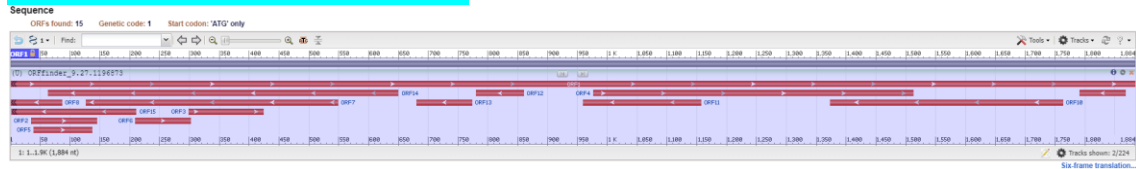
List of domain hits

| # | Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|-----|------------|-----------|---|-----------|----------|
| [+] | Tyrosinase | pfam00284 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 622-1446 | 7.94e-33 |
| [+] | PP01_KFDV | pfam12143 | Protein of unknown function (DUF_B2219). This domain family is found in eukaryotes, and is ... | 1708-2043 | 4.22e-30 |
| [+] | PP01_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain. This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 1474-1641 | 4.97e-19 |

>QPEU01346849.1 variedade SP80-3280 [CDS]

ATGGAGCGAGCAACCAGGCCAGTAATTGGCTCGCATGTATGCCACGCAGTGCACACTTCCA
 CTATATATATACTGGCTTTGGGCATGGATGGATGTGTGTGGCAACGTCCAAATCCAGACCAC
 TGCTATCTCGTAGTCTCGTAGACATGAACGGCTCCATGGCGAGCGCCTGCGCCACCTCCAGC
 CCCCTCGTCTCGGCGCCCTCTGCATGCCCGTCCAAGAAGACCGCCGCTGCCAGGTTCCGGCG
 CCGCACGGTGTCTGTCAGGGCCACCGGCGGGCGGCGAGCGGCCGGGGCGACAATGACGGCCTCC
 ICTGGCTGCCCCGGCGCGACACGATGCTCAACGGCCTGTCCGGTGTCCGCCCGGGCTGGCC
 TGGTACCCGGGCTCGCGGATGCTGCCGAGTGCACCCGGGCGGACAAGGTGAACGAGAACAC
 CGTGCAGTGCACGGACACGGAAGGGGTGTTGCCGTGCCCTCTGGTGTCCGGCAGGGCCCCCG
 TGGTGGACTTCACGCCGAGGGCAAGGTGACGCGCTTCCGGCAGCCGGTGCATCTCCTGAGC
 CGGGAATAACCAGGAGAAGTACAAGGAGGCCCTCGCAAAGATGAAGGCGCTGCCGGAGTCGAA
 CCCGCTGAGCTTCAAGGCGCAGGCGGCCATCCACCAGGCCTACTGCGACAGCTACTACAGCT
 ACCACCGGTCTGTCGGCGGCGAAGGACGACGTGGACCCAGCGTTCGACGTGCACTTCTCGTGG
 ATCTTCGCGCCGTGGCACCGCATGTACATCTACTTCTACGAGCGCGCCCTCGGGCAGCTCAT
 CGGCGACGACACCTTCGCGCTGCCGTTCTGGAAGTGGGACGCCCCCGCGGCATGGTGGTGC
 CGCCTCTCTTACGCGAGGGCTCCACGGCCAGCAACCCGCTGTACGACGCCAACCAGGAAACCG
 GCGAACCTCGACGCGCTGATCGACCTAGACTACCTCAACGACCAGGATGCGGAGCCCATCCC
 TTTCAAGGGCCCCAAGGACGAAAAATACAAGAAACGTATGGCGCACACCGCCGTGCACGTCT
 GGCTCGGCAAGGCGGGGCGGACGCTGCGACGGCGACTTCCGGCGAAGCTTCCGGCGGGGTC
 CCGAACCACTCCTCAGGCGGGTACAACGCAACAACGACATGGGGTTCTGGGGTCCGGCGGG
 GAACGACCCGCTCTTCTACTCGCACCACTCCAACGTGGACCGCATGTGGCACCTCTGGTCCA
 CCAGGCTCGGCGGGCGGGCAGGGCATCACGGACACGGACTGGCTGGACGCCAGCTTTCGTCTTC
 TACGACGACGTCGAGAGCCCGCGGAAGGTGCGCATCAGGTTCCGCGACGTCCTGGACACGCG
 CGACCTCGGCTACACGTACGACGCCGAGGCCGACAAGGACCTGCCGTGGCTGCGCCCCAAGA

TCACGTCGCTGGTGCCCCACGGCACGGACAGCGGCGCGACGACGGCGAGGTCTGTCGGCGGCG
 GCGCCGGTGTTCCTGCTCGCCCTGACCAAGGGCCAGGTCTGAGGTTGCCGGCCGTAGCTGT
 GCCGGCCAGGGAGGCGGGGAAGGAGCAGCTGCTGGTATCGACGGCATCGAGTTCGACCCCC
 AGGCGAACAAAGTTCGACGTCGCCATCAACGTGCCCGCGGACAAGGCATTGTTGGTGGGG
 CCGCAGTACAAGGAGTACGCCGGGAGCTTCGCCGTCGTGCCGGGCTCCGGCGCCGGCGGGAC
 GCGGAAGGGGAAGGTCTCCCTCTGCATCACCGACGTGCTGTACGATCTCGACTCTCAGGACG
 ATAGCATCGTCGACGTCGTTATCGTGCCGCGCACAGCTGCCAAGGTGACGCTCAACGTTCCG
 CCCACCATCAAGAATCGAACTAG



>QPEU01346849.1_Fujian varietade SP80-3280 [AA]

MERATRPVIGSHVCPRSAHFHYIYTGFGHGWMCVATSKSRPLLSRSLVDMNGSMASACATSS
 PLVSAPSACPSKKTAAARFRRTVSCRATGGGSGRGRDNDGLLWLPDRDMLNGLSGVAAGLA
 WYPLGADAAECTRADKVNENTVQCTDTEGVLPCLVSATAPVVDFTPEGKVTRFRQPVHLLS
 REYQEKYKEALAKMKALPESNPLSFKAQAAIHQAYCDSYYSYHRSSAAKDDVDPAFDVHFSW
 IFAPWHRMYIYFYERALGQLIGDDTFALPFWNWDAPAGMVVPLFSEGSTASNPLYDANRNP
 ANLDALIDLIDYLNQDAEPIPFKGPKDEKYKKRMAHTAVHVWLKAGPTPATATCGEASGGV
 PNHSSGGYNCNNDMGFLGSAGNDPLFYSHHSNVDRMHWLWSTRLGGGQGITDTDWLDASFV
 YDDVESPRKVRIRFRDVLDRDLGYTYDAEADKDLPLWRPKITSLVPHGTDGATTARSSAA
 APVFPLALTKGQVVEVPAVAVPAREAGKEQLLVIDGIEFDPQANNKFDVAINVPAKALLVG
 PQYKEYAGSFAVVPVPGSAGGTRKGGKVSCLITDVLVLDLDSQDDSIVDVVIVPRTAAKVTLNVR
 PTIKNRN*

The figure is a screenshot of the NCBI Conserved Domains tool. It shows the 'Conserved domains on [lcl|seqsig_MERAT_f5787672f2347cde2743c8188f314050]' page. The 'Protein Classification' section identifies the protein as 'tyrosinase family protein (domain architecture ID 10447092)'. The 'Graphical summary' shows a sequence with domains: Tyrosinase, PP01_DWL, and PP01_KFDV. The 'List of domain hits' table is as follows:

| Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|----------------|-----------|---|----------|----------|
| [H] Tyrosinase | pfam00264 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 208-412 | 5.29e-35 |
| [H] PP01_KFDV | pfam12143 | Protein of unknown function (DUF_B2219); This domain family is found in eukaryotes, and is ... | 500-611 | 5.62e-31 |
| [H] PP01_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain; This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 422-477 | 4.09e-19 |

ShPPO14-QPEU01338663.1-Saccharum hybridum varietade SP80-3280

>QPEU01338663.1 varietade SP80-3280 [DNA]

ATGCTAATTGCTACAGTAGATACAGACAAAGATGGTGGAGATGCAGGGGAGATTTTGAAAAA
 TGGAGCGAGCAACCAGGCCAATAACTTTCTCGAGGCAGTCCACAGTTCCTACTATATATATTG
 GCCTTGGGCGTCGATGGATGTGCGTGGCAACGTCCAAGTCCAGACCGCTGCAATCTCTAGTC
 TCATAGACATGAACGGCTCCATGGCGAGCGCCTGCGCCACCTCCAGGCCCTCGTCCCAGCG
 CCCTCTGCATGCCCCTCAAGAAGACCTCCGCCGCGAGATTCCGGCGCCGCACGTTCTCGTG
 CAGGGCTACCGGCGGGCGGCAGCGCGGGCGGCGGCGACAATGACAGCCTTCTGTGGCTGCCCC
 GGCGTGACGTGATGCTCAGCGGCCTGAGCGGTGTGGCCGCGGGCTCGCCTGGTACCCGGGC
 CTCGCGTCCGGAGCGGATTCTGTCGTTCTCGCCGTGCACGACGGCGGACAAGGTGAACGAGAA

GATCTTGCAGTGCACGGACACGAGCAAGCAGAAGCCGTGCCCTCTGGTGTGCGCGACGGCCC
 CCGTGCAGTTCACGCCGGAAGGCAAGGTGACGCGCGTCCGGCAGCCGGTGCATCTCCTGAGC
 CGGAATACCAGGAGAAGTACAAGGAGGCCGTCGGAAGATGAAGGCGCTGCCGGAGTCGAA
 CCCGCTGAGCTTCAAGGCGCAGGCGGCCATCCACCAGGCCACTGCGACAACACTACAAGT
 ACCACAAGTCGTCCGGCTCGACGGTGGCCAAGGACGACCCGGCGTTCGACGTGCACTTCTCG
 TGGATCTTCGCGCCGTGGCACCGCATGTACATCTACTTCTACGAGCGTGCCCTCGGCGACCT
 CATCGGCGACAAAACCTTCGCGCTGCCGTTCTGGAGCTGGGACGCGCCGGCCGGCATGGTGG
 TGCCGGCTCTCTTCAAGGACGCCTTTGCCAACCCGCTGTACGACCCCAACCGGAACACGGCG
 AACGTCAACGCGCTGGTTCGACCTAGACTACCTCAGCCACAGGGATGCGAAGCCCATCGATTT
 CAAGGGCCCAAAGGACGAAAAATACAAGGAACCTTGTAAACAAGAACCTGTGCACCGTATAACA
 ACCAGGTGTGTATGCATACATACTCCGCCGTGTACAGCTAATTAACCACCTTTGGC
 TTCATTTTGACGGAAGTGTGTCAGCAAGTGCGCAAGGGCCCGGAGTCGTTCTGGGCGAGA
 GGTAATGCACCGCCATCGATGGCACCAGCGCCATGGGTTTCGCTGGAGCGGATGGCGCACACC
 GCCATGCACGTCTGGGTCCGCAAGGCGAGCCCGACGTCTGGGTCTGCGACGCCGCCGGCGG
 CGGCGTCTGAGCCACAAGGACGGCAAGTACAACCTGCAACAACGACATGGGGTTCTAGGGT
 CGGCGGGGAACGACCCGCTCTTCTACTCGCACCACTCCAACGTGGACCGCATGTGGCACCTC
 TGGTCCACCAGGCTCGGCGGGGCGAGGGCATCACGGACCCGGACTGGCTCGACGCCAGTTT
 CGTCTTCTACGACGACGTCAAGAGCCCGCGGAAGGTGCGCATCAAGTTCCGCGACGTCCTGG
 ACACGCGGACCTCGGCTACACGTACGACCCCGAGTACGACAGGGACCAGCCGTGGCTGCGC
 CCAAGATCACGACGCTGGTGCACCCACGGCAAGGACAGCGGCGCGCCGGCGAGGTCGTCGGC
 GGCGGCGCCGGTGTTCGCGCTCGCCCTCACCAAGGGCCAGGTCGTGGAGGTGCCGGCCGTGG
 CCGTGCCGTCCAGGGAGGAGGGGAAGGAGCAGCTGCTGGTGATCGACGGCATCGACTTCGAC
 CCGCAGGCGAACAACAAGTTCGACGTCGCCATCAACCTGCCCGCGGACAAGGCGCTGCAGGT
 GGGGCCGAGTACAAGGAGTACGCCGGGAGCTTCGCCGTCGTGCCGGGCTCCGGCGCCGGCG
 AGACGCGGAAGGGGAAGGTCTCCCTCTGCATCACCGACGTGCTGTACGACCTCGACGCGGAG
 GACGATAGCACCGTCGACGTCCTTATCGTGCCGCGCACCGATGCAAAGGTGACGCTCAACGT
 TCGCCCCACCATCAAGAATCGCAAGTAA

NCBI

Conserved Domains

HOME SEARCH GUIDE NewSearch Structure Home 3D Macromolecular Structures Conserved Domains Pubchem BioSystems

Conserved domains on [lcl|seqsig_ATGCT_bb29837a4020af4aa48479373d9e2970] View Concise Results

Local query sequence

Graphical summary Zoom to residue level show extra options

RF #1 Specific hits Superfamilies

RF #3 Superfamilies

Search for similar domain architectures Refine search

| # | Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|-----|-------------------------|-----------|---|-----------|----------|
| [H] | PP01_KFDV | pfam12143 | Protein of unknown function (DUF_B2219); This domain family is found in eukaryotes, and is ... | 1750-2085 | 8.50e-33 |
| [H] | PP01_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain; This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 1519-1686 | 3.96e-17 |
| [H] | Tyrosinase super family | cl02830 | Common central domain of tyrosinase; This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 1276-1491 | 6.37e-12 |
| [H] | Tyrosinase super family | cl02830 | Common central domain of tyrosinase; This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 684-989 | 1.06e-17 |

>QPEU01338663.1 variedade SP80-3280 [CDS]

ATGGATGTGCGTGGCAACGTCCAAGTCCAGACCGCTGCAATCTCTAGTCTCATAGACATGAA
 CGGCTCCATGGCGAGCGCCTGCGCCACCTCCAGGCCCTCGTCCCGGCGCCCTCTGCATGCC
 CGTCCAAGAAGACCTCCGCCGCCAGATTCCGGCGCCGCACGTTCTCGTGCAGGGCTACCGGC
 GGCGGCAGCGGCGGCCGGGGCGACAATGACAGCCTTCTGTGGCTGCCCGGCGTGACGTGAT
 GCTCAGCGGCTGAGCGGTGTGGCCGCCGGGCTCGCCTGGTACCCGGGCCTCGCGTCCGGAG
 CGGATTCGTGCTCTTCGCCGTGCACGACGGCGGACAAGGTGAACGAGAAGATCTTGCAGTGC
 ACGGACACGAGCAAGCAGAAGCCGTGCCCTCTGGTGTGCGCCGACGGCCCCCGTCACTTAC
 GCCGGAAGGCAAGGTGACGCGCGTCCGGCAGCCGGTGCATCTCCTGAGCCGGGAATACCAGG
 AGAAGTACAAGGAGGCCGTCCGGAAGATGAAGGCGCTGCCGGAGTCGAACCCGCTGAGCTTC

```

AAGGCGCAGGCGGCCATCCACCAGGCCTACTGCGACAACACTACTACAAGTACCACAAGTCGTC
CGGCTCGACGGTGGCCAAGGACGACCCGGCGTTCGACGTGCACTTCTCGTGGATCTTCGCGC
CGTGGCACC GCATGTACATCTACTTCTACGAGCGTGCCCTCGGCGACCTCATCGGCGACAAA
ACCTTCGCGCTGCCGTTCTGGAGCTGGGACGCGCCGGCCGGCATGGTGGTGGCCGGCTCTCTT
CAAGGACGCCTTTGCCAACCCGCTGTACGACCCCAACCGGAACACGGCGAACGTCAACGCGC
TGGTCGACCTAGACTACCTCAGCCACAGGGATGCGAAGCCCATCGATTTCAAGGGCCCAAAG
GACGAAAAATAACAAGGAACCTTGTTAACAAGAACCTGTGCACCGTATAACAACCAGGTGTGTGT
ATGCATACATACTACTCCGCCGTGTACAGCATGGGTTTCGCTGGAGCGGATGGCGCACACCG
CCATGCACGTCTGGGTCGGCAAGGCGAGCCGACGTCTGGGTCGTGCGACGCCCGCGGGCGGC
GGCGTCCTGAGCCACAAGGACGGCAAGTACAACGCAACAACGACATGGGGTTCCTAGGGTC
GGCGGGGAACGACCCGCTCTTCTACTCGCACCCTCCAACGTGGACCGCATGTGGCACCTCT
GGTCCACCAGGCTCGGCGGGCGGCGAGGCATCACGGACCCGACTGGCTCGACGCCAGTTTC
GTCTTCTACGACGACGTCAAGAGCCCGCGGAAGGTGCGCATCAAGTTCCGCGACGTCTTGA
CACGCGCGACCTCGGCTACACGTACGACCCCGAGTACGACAGGGACCAGCCGTGGCTGCGCC
CCAAGATCACGACGTGGTGCCCCACGGCAAGGACAGCGGCGCGCCGGCGAGGTCGTGCGCG
GCGGCGCCGGTGTTCGCGCTCGCCCTACCAAGGGCCAGGTCGTGGAGGTGCCGGCCGTGGC
CGTGCCGTCCAGGGAGGAGGGGAAGGAGCAGCTGCTGGTGATCGACGGCATCGACTTCGACC
CGCAGGCGAACAACAAGTTCGACGTGCGCATCAACCTGCCCGCGGACAAGGCGCTGCAGGTG
GGCCCGCAGTACAAGGAGTACGCCGGGAGCTTCGCCGTCTGCCGGGCTCCGGCGCCGGCGA
GACGCGGAAGGGGAAGGTCTCCCTCTGCATCACCGACGTGCTGTACGACCTCGACGCGGAGG
ACGATAGCACCGTCGACGTCTTATCGTGCCGCGCACCCGATGCAAAGGTGACGCTCAACGTT
CGCCCCACCATCAAGAATCGCAAGTAA

```

Open Reading Frame Viewer

Sequence



>QPEU01338663.1_Fujian varietade SP80-3280 [AA]

```

MDVRGNVQVQTAAISSLIDMNGSMASACATSRPLVPAPSACPSKKTSAARFRRRTFSCRATG
GGSGGRGDNDSELLWLPRRDVMLSGLSGVAAGLAWYPGLASGADSSSSPCTTADKVNEKILQC
TDTSKQKPCPLVSPTAPVDFTPGKQVTRVRQPVHLLSREYQEKYKEAVGKMKALPESNPLSF
KAQAAIHQAYCDNYYKYHKSSGSTVAKDDPAFDVHFSWIFAPWHRMYIYFYERALGDLIGDK
TFALPFWWDAPAGMVPALFKDAFANPLYDPNRNTANVNALVDLDYLSHRDAKPIDFKGPK
DEKYKELVNKNLCTVYNQVCVCIHTYSAVYSMGSLEMAHTAMHVWVGKASPTSGSCDAAGG
GVLSHKDGKYNCNNDMGFLGSAGNDPLFYSHSNVDRMWHLWSTRLGGGQGITDPDWLDASF
VFYDDVKSPRKVRIKFRDVLDRDLGYTYDPEYDRDQPWLRPKITTLVPHGKDSGAPARSSA
AAPVFPLALTKGQVVEVPAVAVPSREEGKEQLLVIDGIDFDPQANNKFDVAINLPADKALQV
GPQYKEYAGSFAVVPGSGAGETRKGKVS LCITDVLVLDLDAEDDSTVDVLIVPRTDKAVTLNV
RPTIKNRK*

```

NCBI

Conserved Domains

tyrosinase family protein (domain architecture ID 10447092)
tyrosinase family protein similar to chloroplastic polyphenol oxidase, chloroplastic (+)-larreatricin hydroxylase, and aureusidin synthase

Graphical summary

Query seq. Specific hits Superfamilies

Tyrosinase superfamily PPO1_DM superfamily PPO1_KFDV superfamily

List of domain hits

| # | Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|-----|------------|-----------|---|----------|----------|
| [H] | Tyrosinase | pfam00264 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 183-414 | 7.53e-35 |
| [H] | PPO1_KFDV | pfam12143 | Protein of unknown function (DUF_B2219). This domain family is found in eukaryotes, and is ... | 501-612 | 7.06e-34 |
| [H] | PPO1_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain. This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 424-479 | 2.15e-17 |

ShPPO15-QPEU01268672.1-Saccharum hybridum variedade SP80-3280

>QPEU01268672.1 variedade SP80-3280 [DNA]

ATGGCGACGGCCAGCGCCGCCTGCACCAGCTTCCTCGTCCCGGCGACTGCTGTGCCTCGAC
 ACCCTCTGCATGCCCATCCACGCTCCCCAAGAAGAATGCTGGCCGGCGGCGCCGCACAGTGC
 TGTGCAGGGCCAGCGGCGGCGGCGGGGCGACGACGTCGATAGCCGCCTCCTCTGGCTACCC
 CGGCGTGGAGTGCTCACC GGCTGAGCGGCGTCGCCGCCGGCTTCGTCCGGTACCCGGACCT
 GGCGTCCATCGCCCTGGAGGCGAACCCTGGAGAGCTGCCGCCGGGGCGAGAAGGTGACGG
 ACAAGCTGGTGGAGTGCTCGGACCCGAACCGAGGCTTCCCCTGCCGCCGGCGTCCGGATC
 CCCATCGTCGACTTCACGCCGAGCGAACGGTGACGCGAATCCGCAGGCCGGCGCACCTCCT
 GGACCCGGAGTACCAGGCGAAGTACAAGGAAGCCGTCGGGAAGATGCGGGCGCTGGACAAGT
 CGAACCCGCTGAGCTTCGCGGCGCAGGCGGCGTCCACGAGTCTACTGCGACGGGCACTAC
 CGGCTGGACCCGACGGAGAAGAACC GCCCTTCGACGTGCACTTCTCGTGGATCTTCGCGCC
 GTGGCACCGCATGTACATCTACTTCTACGAGCGCGCCCTCGGCGACCTCATCGGCGACGACA
 CTTTCGCGCTGCCGTACTGGAGCTGGGACACGCCGGCCGGCATGGGGATAACCGCCGTCTTC
 AAGGGGTCTCCACGGCCGAAAACCCGCTGTTTCGACCCCTACCGCAACATGGACAACAAGGA
 CGCCCTGATCGACCTGGACTACCTGAAAACCCCAAACGGCCGACCATCCCCTCAAGCCGC
 CGCCGGAGTCGGACGCCCGCCGCGGCCAGGCGTACGACGACGCCGTTTCGGACCAACCTTTC
 ACCATATACATTCAGGTAATCAATCAAGGTGTGTACATACATAGATTTCGTTTGGAAATGGCT
 AGCTCATGATTTTGTTTGGCCTTGTTTGTATGTATGTAGCAAGTCCGTGACGGCAAGGGGCC
 CCGTGCGTACCTCGGCGAGAAGCTGTGCAGCGAGGCGAGCTCCCGGGTGAAGGAGGTGAACG
 AGCGTTCCAAGAGGCGGCAAGGAGCCGGCGGCGCCGAAGGTGAAGGCGAGCAACGCGCAG
 GGCACGCTGGAGCGGATGGCGCACACGACGGTGCACGTGTGGGCCGGCAGGTTCGAGCCCAA
 GGCTCCGGCCACCTGCTCCGTGGACGGAGGCGGGGTGATGGGGCACGACGGCAAACCGCACT
 GCAACAACGACATGGGGTTCTGGGCACGGCGGGGCGGGACCCGCTCTTCTACTCGCACCAC
 GCCAACGTGGACCGGATGTGGCACCTCTGGTCCACCAGGCTCGGCGGCAGGGGCTTCGACGA
 CCCGGAGTGGCTGGACACCAGCTTCGTCTTCTACGACGACGTCAAGAGCCCGCGGCTGGTGC
 GGATGAAGTTCCGCGACGTGCTCGACACGGCCAACCTCGGGTACACCTACGACAAGGAGTCCG
 GAGGCGGCGCTGCCGTGGCTGAAGAGCAAGCCCACCCTGTTCTCGGCCGGCAAGACGACCAG
 GTCCGCGCCGGCGAAGCCAAAGGTGGTGTTCGGAGTTCCTCGTACCCCTGACGAAGGAGCCG
 TGGACGTACCGTCCGTGGCGATCCCGGCGAAGCAGCCCGGGAAGGACCTGGTGTGCTCATC
 GAGGGCATCGAGTACGACCCCAAGATCAACAACAAGTTCGACGTCATCATCAACGTGCCCAA
 GGAGGACGCCGGCATGGTGGGGCCCAAGGACTGCGAGTACGCCGGCAGCTTCACCGCAGTGC
 CCAGCTCCAACGCCCGCGGCGGACGCTCGTGGGAAGGTGACGCTCTTCATCGACGGCGTG
 CTGGAAGACCTCGGGCTCACCGGCGAGAGCGCCGTGACATCGTGCTGGTTCCTCACACGGA
 CGAGGAGATCAAGATCTACCTGCCCCGACCATCGAGAACGCATGATGAGATCACTGGCTCA

TCAACAGCCGCACGCACTGCTGGCTGTTATCTTCACCGCCGCCGGCGCGTGAGCAGTGGCGA
 TTTTTTAAATAAGGCTTAAAAATAAATTAGTACGATGTCCTACTCCTGCCGTATGATTATT
 GTGTTTAA

NCBI

Conserved Domains

Local query sequence

Graphical summary Zoom to residue level [show extra options](#)

Conserved domains on [lcl|seqsig_ATGGC_ca8833aa945b40997c9884451ef7bb0d]

View [Concise Results](#)

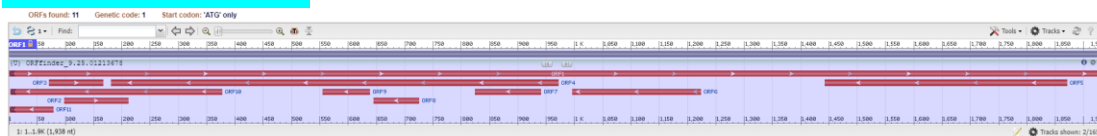
List of domain hits

| # | Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|-----|------------------------|-----------|---|-----------|----------|
| [H] | Tyrosinase | pfam00264 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 502-957 | 9.62e-17 |
| [H] | PRK12678 super family | d36163 | transcription termination factor Rho, Provisional | 1472-1999 | 4.07e-03 |
| [H] | PPO1_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain. This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 1419-1586 | 4.07e-21 |
| [H] | PPO1_KFDV super family | d15965 | Protein of unknown function (DUF_B2219). This domain family is found in eukaryotes, and is ... | 1647-2000 | 6.59e-21 |
| [H] | Tyrosinase | pfam00264 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 1179-1394 | 4.68e-12 |
| [H] | PHA03247 super family | d33720 | large tegument protein UL36, Provisional | 1174-1728 | 4.02e-03 |

>QPEU01268672.1_CNGB variedade SP80-3280 [CDS]

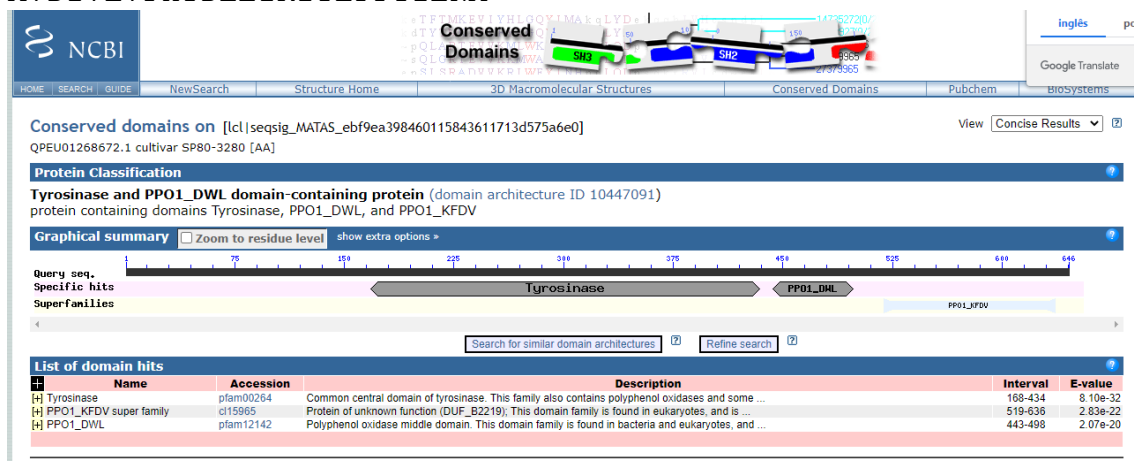
ATGGCGACGGCCAGCGCCGCCTGCACCAGCTTCCTCGTCCC GGCGACTGCTGTCGCCTCGAC
 ACCCTCTGCATGCCATCCACGCTCCCAAGAAGAATGCTGGCCGGCGGGCGCCGACAGTGC
 TGTGCAGGGCCAGCGCGGGCGGCCGGGGCGACGACGTCGATAGCCGCCCTCCTCTGGCTACCC
 CGGCGTGGAGTGCTCACC GGCCCTGAGCGGGCTCGCCGCCGGCTTCGTCGGGTACCCGGACCT
 GCGTCCATCGCCCTGGAGGCGAACCCTGGAGAGCTGCCGCCGGGGCGAGAAGGTGACGG
 ACAAGCTGGTGGAGTGCTCGGACCCGAACCGAGGCTTCCCGTGCCCGCCGGCGTCCGGATC
 CCCATCGTCGACTTCACGCCGGAGCGAACGGTGACCGGAATCCGCAGGCCGGCGCACCTCCT
 GGACCCGGAGTACCAGGCGAAGTACAAGGAAGCCGTCCGGGAAGATGCGGGCGCTGGACAAGT
 CGAACCCGCTGAGCTTCGCGGCGCAGGCGGCCGTCCACGAGTCTACTGCGACGGGCACTAC
 CGGCTGGACCCGACGGAGAAGAACC GCCCTTCGACGTGCACCTTCTCGTGGATCTTCGCGCC
 GTGGCACCGCATGTACATCTACTTCTACGAGCGCGCCCTCGGCGACCTCATCGGCGACGACA
 CCTTCGCGCTGCCGTACTGGAGCTGGGACACGCCGGCCGGCATGGGGATACCGCCGCTTTC
 AAGGGGTCTCCACGGCCGAAAACCCGCTGTTTCGACCCCTACCGCAACATGGACAACAAGGA
 CGCCCTGATCGACCTGGACTACCTGAAAACCCCAACGGCCGACCATCCCTTCAAGCCGC
 CGCCGGAGTCGGACGCCCGCCGCGCCAGGCGTACGACGACGCCGTTCCGGACCAACCTTTC
 ACCATATACATTCAGGTAATCAATCAAGGTGTGTACATACATAGATTTCGTTTGAAATGGCT
 AGCTCATGATTTTGTGGCCTTGTGGTATGTATGTAGCAAGTCCGTGACGGCAAGGGGCC
 CCGTGCGTACCTCGGCGAGAAGCTGTGCAGCGAGGCGAGCTCCCGGGATGGCGCACACGACG
 GTGCACGTGTGGGCCGGCAGGTCGAGCCCCAAGGCTCCGGCCACTGCTCCGTGGACGGAGG
 CGGGGTGATGGGGCAGCAGGCAAACCGCACTGCAACAACGACATGGGGTTCTGGGCACGG
 CGGGCGGGACCCGCTTCTACTCGCACCCACGCCAACGTGGACCGGATGTGGCACCTCTGG
 TCCACCAGGCTCGGCGGACGGGGCTTCGACGACCCGGAGTGGCTGGACACCAGCTTCGTCTT
 CTACGACGACGTCAAGAGCCCGCGGCTGGTGC GGATGAAGTTCCGCGACGTGCTCGACACGG
 CCAACCTCGGGTACACCTACGACAAGGAGTCCGAGGCGGGCGTCCCGTGGCTGAAGAGCAAG
 CCCACCCTGTTCTCGGCCGGCAAGACGACAGGTCGCGCCGGCGAAGCCCAAGGTGGTGT
 GGAGTTCGCGCTGACCCTGACGAAGGAGGCGTGGACGTACCGTCCGTGGCGATCCCGGCGA
 AGCAGCCC GGGAAGGACCTGGTGCTGCTCATCGAGGGCATCGAGTACGACCCCCAGATCAAC
 ACAAGTTCGACGTCATCATCAACGTGCCAAGGAGGACGCCGGCATGGTGGGGCCCAAGGA
 CTGCGAGTACGCCGGCAGCTTACC GCAGTGCCAGCTCCAACGCCCGGGCGGGACGCTCG

TGGGGAAGGTGACGCTCTTCATCGACGGCGTGCTGGAAGACCTCGGGCTCACCGGCGAGAGC
GCCGTCGACATCGTGCTGGTTCCCTCACACGGACGAGGAGATCAAGATCTACCTGCCCCGAC
CATCGAGAACGCATGA



>QPEU01268672.1_CNGB variedade SP80-3280 [AA]

MATASAACTSF LVPATAVASTPSACPSTLPKKNAGRRTVLCRASGGGRGDDVDSRLLWLP
RRGVLTLGSLGVAAGFVGYPDLASIALEANPVESCRGKVTDKLVECDPNRGFPCPPASRI
PIVDFTPERTVTRIRRPAHLLDPEYQAKYKEAVGKMRALDKSNPLSFAAQAAVHESYCDGHY
RLDPTEKNRPFVDVHFSWIFAPWHRMYIYFYERALGDLIGDDTFALPYWSWDTPAGMGIPAVF
KGVSTAENPLFDPYRMDNKDALIDL DYLKTPKRPTIPFKPPESDAAARQAYDDAVR TNLS
TIYIQVINQGVYIHRFVWKWLAHDFVWPCLYVCSKSVTARGPVRTSARSCAARRAPGMAHTT
VHVWAGRSSPKAPATCSVDGGGVMGHDGKPHCNNDMGFLGTAGRDPLFYSHHANVDRMWHLW
STRLGGRGFDDPEWLDTSFVYDDVKS PRLVRMKFRDVLDTANLGYTYDKESEAALPWLKSK
PTLFSAGKTTRSAPAKPKVVSEFPLTLTKEAVDVPSVAIPAKQPGKDLVLLIEGIEYDPQIN
NKFVDVIINVPKEDAGMVGPKDCEYAGSFTAVPSSNAAGGTLVGKVTLFIDGVLEDLGLTGES
AVDIVLVPHTDEEIKIYLPPTIENA*



ShPPO16-QPEU01308929.1-Saccharum hybridum variedade SP80-3280

>QPEU01308929.1 variedade SP80-3280 [DNA]

ATGGCGGCGTCTCGATGTACCCATATATACGGGGGCACACTGATGCTTTCCAGCACAAATC
AGCAATACCCAAGATCTATAATCTAACGTACGTACTCCAGCTGATTTGTCCACGCGGCATGG
CGACGACCAGCGCCGCCTGCACCAGCTTCCCTCGTCCCGGCGACTGCTGTCGCCTCGACACCC
TCTGCATGCCATCCACGCTCCCCAAGAAGAATGCTGGCCGGCGGCGGCACAGTGCTGTG
CAGGGCCAGCGGCGGCGGCGGGGCGACGACGTCGATAGCCGCCTCCTCTGGCTACCCGGC
GTGGAGTGCTCACCGGCCTGAGCGGCGTCGCCGCGGCTTCGTCGGGTACCCGGACCAGGCG
TCCATCGCCCTGGAGGCGAACCCCGTGGAGAGCTGCCGCGGGGCGAGAAGGTGACGGACAA
GCTGGTGGAGTGCTCGGACCCGAACCGAGGCTTCCCGTGCCCGCGGCGTCGCGGATCCCCA
TCGTCGACTTCACGCCGAGCGCACGGTGACGCGCATCCGCAGGCCGGCGCACCTCCTGGAC
CCGGAGTACCAGGCGAAGTACAAGGAAGCCGTCGGGAAGATGCGGGCGATGGACAAGTCGAA
CCCCTGAGCTTCGCGGCGCAGGCGGCCGTCACGAGTCTACTGCGACGGGCACTACCGGC
TGGACCCGACGGAGAAGAACC GCCCTTCGACGTCCTACTTCTCGTGATCTTCGCGCCGTGG
CACCGCATGTACATCTACTTCTACGAGCGCGCCCTCGGCGACCTCATCGGCGACGACACCTT
CGCGCTGCCGTACTGGAGCTGGGACACGCCGCGGCATGGGGATACCTGCCGTCTTCAAG

GGGTCTCCACGGCCGAAAACCCGCTGTTTCGACCCCTACCGCAACATGGATAACAAGGACGCC
 CTGATCGACCTGGACTACCTGAAAACCCCAAACGGCCGACCATCCCCTTCAAGCCGCCGCC
 GGAGTCGGACGCCCGCGCGCCAGGCGTACGACGACGCCGTTTCGGACCAACCTTTCCACCA
 TATACATTCAGGTAATCAATCAAGGTGTGTACATACATAGATTCTGTTTGGAAATGGCTAGCT
 CTTGATTTTGTGGCCTTGTGGTATGTATGTAGCAAGTCCGTGACGGCAAGGGGCCCGT
 GCGTACCTCGGCGAGAAGCTGTGCAGCGAGGCGAGCTCCCGGGTGAAGGAGGTGAACGAGCG
 TTCCAATAGGCGGCAAGGAGCCGGCGGCGCCGAAGGTGAAGGCGAGCAACGCACAGGGCA
 CGCTGGAGCGGATGGCGCACACGACGGTGCACGTGTGGGCCGGCAGGTGAGCCCCAAGGCT
 CCGGCCACCTGCTCCGTGGACGGAGGCGGGGTGGTGGGGCACGACGGCAAGCCGCACTGCAA
 CAACGACATGGGGTTCCTGGGCACGGCGGGGCGGGACCCGCTCTTCTACTCGCACCACGCCA
 ACGTGGACCGGATGTGGCACCTCTGGTCCACCAGGCTCGGTGGCAGGGGCTTCGACGACCCG
 GAGTGGCTGGACACCAGCTTCGTCTTCTACGACGACGTCAAGAGCCCGCGGCTGGTGC GGAT
 GAAGTTCGCGACGTGCTCGACACGGCCAACCTCGGGTACACCTACGACAAGGAGTCGGAGG
 CGGCGCTGCCGTGGCTGAAGAGCAAGCCACCCGTTCTCGGCCGGCAAGACGACCAGGTCC
 GCGCCGGCGAAGCCCAAGGTGGTGTGGAGTTCGCGTACCCTGACGAAGGAGGCCGTCGA
 CGTACCGTCCGTGGCGATCCCGGCGAAGCAGCCGGGAAGGACCTGGTGTGCTCATCGAGG
 GCATCGAGTACGACCCCCAGATCAACAACAAGTTCGACGTCATCATCAACGTGCCCAAGGAG
 GACGCCGGCATGGTGGGGCCCAAGGACTGCGAGTACGCCGGCAGCTTACCCGAGTGCCAG
 CTCCAACGCCCGCGGGGACGCTCGTGGGGAAGGTGACGCTCTTCATCGACGGCGTGCTGG
 AAGACCTCGGGCTCACCGGCGAGAGCGCGTTCGACATCGTGTGCTGGTTCCTCACACGGACGAG
 GAGATCAAGATCTACCTGCCCCCGACCATCGAGAACGCATGATG

NCBI Conserved Domains

Local query sequence: [lcl|seqsig_ATGGC_aef61a0140210d3d87200ac192ac79d2]

Graphical summary: Zoom to residue level

List of domain hits

| # | Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|-----|------------------------|-----------|---|-----------|----------|
| [H] | Tyrosinase | pfam00264 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 622-1077 | 2.33e-16 |
| [H] | PRK12678 super family | c136163 | transcription termination factor Rho, Provisional | 1580-2119 | 1.49e-04 |
| [H] | PPO1_KFDV super family | c115965 | Protein of unknown function (DUF_B2219). This domain family is found in eukaryotes, and is ... | 1767-2120 | 5.36e-21 |
| [H] | PPO1_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain. This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 1539-1706 | 7.43e-21 |
| [H] | Tyrosinase | pfam00264 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 1299-1514 | 4.40e-12 |
| [H] | PRK07764 super family | c135613 | DNA polymerase III subunits gamma and tau; Validated | 1246-1851 | 3.04e-03 |

>QPEU01308929.1_CNGB variedade SP80-3280 [CDS]

ATGGCGGCGTCTCGATGTACCCATATATACGGGGGCACACTGATGCTTTCCAGCACAAATC
 AGCAATACCCAAGATCTATAATCTAACGTACGTACTCCAGCTGATTTGTCCACGCGGCATGG
 CGACGACCAGCGCCGCTGCACCAGCTTCCCTCGTCCCGGCGACTGCTGTCGCTCGACACCC
 TCTGCATGCCCATCCACGCTCCCCAAGAAGAATGCTGGCCGGCGGCGGCGCACAGTGCTGTG
 CAGGGCCAGCGGCGGCGGGGCGACGACGTCGATAGCCGCTCCTCTGGCTACCCGGC
 GTGGAGTGCTCACCGGCTGAGCGGCGTCCCGCCGGCTTCGTGGGTACCCGGACCAGGCG
 ICCATCGCCCTGGAGGCGAACCCCGTGGAGAGCTGCCGCCGGGGCGAGAAGGTGACGGACAA
 GCTGGTGGAGTGCTCGGACCCGAACCGAGGCTTCCCGTGCCTCGGCGGCGTCCGGATCCCCA
 TCGTCGACTTCACGCCGAGCGCACGGTGCACGCGCATCCGCAGGCCGGCGCACCTCCTGGAC
 CCGGAGTACCAGGCGAAGTACAAGGAAGCCGTCCGGGAAGATGCGGGCGATGGACAAGTCGAA
 CCCGCTGAGCTTCGCGGCGCAGGCGGCCGTCCACGAGTCTACTGCGACGGGCACTACCGGC

TGGACCCGACGGAGAAGAACCGCCCTTCGACGTCCTTCTCGTGGATCTTCGCGCCGTGG
 CACCGCATGTACATCTACTTCTACGAGCGCGCCCTCGGCGACCTCATCGGCGACGACACCTT
 CGCGCTGCCGTACTGGAGCTGGGACACGCCGGCCGGCATGGGGATACCTGCCGTCTTCAAG
 GGGTCTCCACGGCCGAAAACCCGCTGTTGACCCCTACCGCAACATGGATAACAAGGACGCC
 CTGATCGACCTGGACTACCTGAAAACCCCAAACGGCCGACCATCCCCTTCAAGCCGCCGCC
 GGAGTCGGACGCCGCCGCGCGCCAGGCGTACGACGACGCCGTTCCGACCAACCTTTCCACCA
 TATACATTAGGTAATCAATCAAGGTGTGTACATACATAGATTGTTTTGGAAATGGCTAGCT
 CTTGATTTTGTGGCCTTGTGTATGTATGTAGCAAGTCCGTGACGGCAAGGGGCCCGT
 GCGTACCTCGGCGAGAAGCTGTGCAGCGAGGCGAGCTCCCGGGATGGCGCACACGACGGTGC
 ACGTGTGGGCCGGCAGGTCGAGCCCAAGGCTCCGGCCACCTGCTCCGTGGACGGAGGGCGGG
 GTGGTGGGGCACGACGGCAAGCCGCACTGCAACAACGACATGGGGTTCTGGGCACGGCGGG
 GCGGGACCCGCTCTTCTACTCGCACCACGCCAACGTGGACCGGATGTGGCACCTCTGGTCCA
 CCAGGCTCGGTGGCAGGGGCTTCGACGACCCGGAGTGGCTGGACACCAGCTTCGTCTTCTAC
 GACGACGTCAAGAGCCCGCGGCTGGTGC GGATGAAGTTCGCGGACGTGCTCGACACGGCCAA
 CCTCGGGTACACCTACGACAAGGAGTCGGAGGCGGCGCTGCCGTGGCTGAAGAGCAAGCCCA
 CCCGGTCTCGGCCGGCAAGACGACCAGGTCGCGCCGGCGAAGCCCAAGGTGGTGTGCGGAG
 TTCCCGCTGACCCTGACGAAGGAGGCCGTCGACGTACCGTCCGTGGCGATCCCGGCCAAGCA
 GCCCGGAAGGACCTGGTGTGCTCATCGAGGGCATCGAGTACGACCCCCAGATCAACAACA
 AGTTCGACGTCATCATCAACGTGCCAAGGAGGACGCCGGCATGGTGGGGCCCAAGGACTGC
 GAGTACGCCGGCAGCTTACCGCAGTGCCAGCTCCAACGCCCGCGGGACGCTCGTGGG
 GAAGGTGACGCTCTTCATCGACGGCGTGTGGAAGACCTCGGGCTCACCGGCGAGAGCGCCG
 TCGACATCGTGTGGTTCCTCACACGGACGAGGAGATCAAGATCTACCTGCCCCCGACCATC
 GAGAACGCATGA

Open Reading Frame Viewer

Sequence



>QPEU01308929.1 variedade SP80-3280 [AA]

MAASRCTHIYGGTLMLSQHKSAIPKIYNLTYVLQLICPRGMATTSAACTSFLLVPATAVASTP
 SACPSTLPKKNAGRRRTVLCRASGGGRDDVDSRLLWLPRRGVLTGLSGVAAGFVGYPDQA
 SIALEANPVESCRERGEKVTDKLVECDPNRGFPCPPASRIPIVDFTPERTVTRIRRPAHLLD
 PEYQAKYKEAVGKMRAMDKSNPLSFAAQAAVHESYCDGHYRLDPTEKNRPFVHFSWIFAPW
 HRMYIYFYERALGDLIGDDTFALPYWSWDT PAGMGI PAVFKGVSTAENPLFDPYRNMDNKDA
 LIDL DYLKTPKRPTIPFKPPESDAAARQAYDDAVRTNLSTIYIQVINQGVYIHRFVWKWLA
 LDFVWPCLYVCSKSVTARGPVRTSARSCAARRAPGMAHTTVHVWAGRSSPKAPATCSVDGGG
 VVGHDGKPHCNNDMGFLGTAGRDPLFYSHHANVDRMWHLWSTRLGGRGFDDPEWLDTSFVY
 DDVKS PRLV RMKFRDVLDTANLGTYTYDKESEALPWLKSKPTRFSAGKTTRSAPAKPKVSE
 FPLTLTKEAVDVPSVAIPAKQPGKDLVLLIEGIEYDPQINNKFVDVINVPKEDAGMVGPKDC
 EYAGSFTAVPSSNAAGGTLVGKVTLEFIDGVLEDLGLTGESAVDIVLVPHTDEEIKIYLPPTI
 ENA*

ShPPO17-QPEU01254870.1-Saccharum hybridum variedade SP80-3280

>QPEU01254870.1_CNGB variedade SP80-3280 [DNA]

TTAAGCCTTATTAATAAAATCGCCACTGCTCACGCGCCGGCGGGTGAAGATAACAGCCAG
 CAGTGCCTGCGGCTGTTGATGAGCCAGTGATCTCATCATGCGTTCTCGATGGTGGGGGCAG
 GTAGATCTTGATTTCTCGTCCGTGTGAGGAACCAGTACGATGTCGACGGCGCTCTCGCCGG
 TGAGCCCGAGGTCTTCCAGCACCGCTCGATGAAGAGCGTGACCTTCCCACGAGCGTCCCG
 CCGGCGGCGTTGGAGCTGGGCACTGCGGTGAAGCTGCCGGCGTACTCGCAGTCTTGGGCC

CACCATGCCGGCGTCCTCCTTGGGCACGTTGATGATGACGTCGAACTTGTGTGTTGATCTGGG
 GGTCATACTCGATGCCCTCGATGAGCAGCACCAGGTCCTTCCCAGGGCTGCTTCGCCGGGATC
 GCCACCGACGGTACGTCCACGGCCTCCTTCGTGAGGGTCAGCGGGAACCTCCGACACCACCTT
 GGGCTTCGCCGGCGCGGACCTGGTCTGTTGCCGGCCGAGAACCAGGGTGGGCTTGTCTTCA
 GCCACGGCAGCGCCGCTCCGACTCCTTGTGCTAGGTGTACCCGAGGTTGGCCGTGTGAGC
 ACGTCGCGGAACTTCATCCGCACCAGCCGCGGGCTCTTGACGTCGTGCTAGAAAGACGAAGCT
 GGTGTCCAGCCACTCCGGGTCGTGCAAGCCCCTGCCGCCGAGCCTGGTGGACCAGAGGTGCC
 ACATCCGGTCCACGTTGGCGTGGTGCAGTAGAAGAGCGGGTCCC GCCCGCCGTGCCAGG
 AACCCCATGTCGTTGTTGCAGTGCGGCTGGCCGTGTCGCCACCACCCCGCCTCCGTCCAC
 GGAGCAGGTGGCCGGAGCCTTGGGGCTCGACCTGCCGGCCACACGTGCACCGTCGTGTGCG
 CCATCCGCTCCAGCGTGCCCTGTGCGTTGCTCGCCTTACCTTCGGCGCGCCGGGCTCCT
 TGCCGCTCCTTGAACGCTCGTTCACCTCCTTACCCGGGAGCTCGCCTCGCTGCACAGCTT
 CTCGCCGAGGTACGCACGGGGCCCCCTTGCCGTACGGACTTGCTACATAACATAACAAGG
 CCAAACAAAATCAAGAGCTAGCCATTTCCAAACGAATCTATGTATGTACACACCTTGATTGA
 TTACCTGAATGTATATGGTGGAAAGGTTGGTCCGAACGGCGTCGTGCTACGCCTGGCGCGCG
 GCGGCGTCCGACTCCGGCGGGCGGCTTGAAGGGGATGGTGGCCGTCTGGGGGTTTTTCAGGTA
 GTCCAGGTCGATCAGGGCGTCTTGTATCCATGTTGCGGTAGGGGTGCAACAGCGGGTTTT
 CGGCCGTGGAGACCCCTTGAAGACGGCAGGTATCCCATGCCGGCCGGCGTGTCCAGCTC
 CAGTACGGCAGCGCGAAGGTGTGTCGTCGCCGATGAGGTCGCCGAGGGCGCGCTCGTAGAAGTA
 GATGTACATGCGGTGCCACGGCGCGAAGATCCACGAGAAGTGGACGTCGAAGGGGCGGTTCT
 TCTCCGTCCGGTCCAGCCGGTAGTGCCCGTGCAGTAGGACTCGTGGACGGCCGCTGCGCC
 GCGAAGCTCAGCGGGTTCGACTTGTCCAGCGCCCGCATCTTCCCGATGGCTTCCCTTGTA
 CCGCTGGTACTCCGGGTCCAGGAGGTGCGCCGGCTGCGGATTCGCGTACCCGTTCCGCTCCG
 GCGTGAAGTCGACGATGGGGATCCGCGACGCCGGCGGGCACGGGAAGCCTCGGTTCCGGTCC
 GAGCACTCCACCAGCTTGTCCGTACCTTCTCGCCCCGGCGGCAGCTCTCCACGGGGTTCCG
 CTCCAGGGCGATGGACGCCAGGTCCGGGTACCCGACGAAGCCGGCGGGCGACGCCGCTCAGGC
 CGGTGAGCACTCCACGCCGGGTAGCCAGAGGAGGGCGGCTATCGACGTCGTGCCCCGGCCG
 CCGCCGTGGCCCTGCACAGCACTGTGCGCCGCCCGCCGGCCAGTATTCTTCTTGGGGAGCGT
 GGATGGGCATGCAGAGGGTGTGCGAGGCGACAGCAGTCGCCGGGACGAGGAAGCTGGTGCAGG
 CGGCGCTGGCCGTGCGCCAT

NCBI

Conserved Domains

Conserved domains on [lcl|seqsig_ATGCG_5f25b0982419d7da7d15495a2449ea95]

Local query sequence

Graphical summary Zoom to residue level [show extra options](#)

RF #1 Superfamilies Tyrosinase

RF #3 Specific hits PPO1_DWL

Superfamilies Tyrosinase PPO1_KFDV

[Search for similar domain architectures](#) [Refine search](#)

| # | Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|-----|------------------------|-----------|---|-----------|----------|
| [H] | Tyrosinase | pfam00264 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 25-480 | 8.28e-15 |
| [H] | PPO1_KFDV super family | d15965 | Protein of unknown function (DUF_B2219). This domain family is found in eukaryotes, and is ... | 1170-1523 | 3.49e-21 |
| [H] | PPO1_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain. This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 942-1109 | 5.11e-21 |
| [H] | Tyrosinase | pfam00264 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 702-917 | 2.85e-12 |

>QPEU01254870.1_CNGB variedade SP80-3280 [CDS]

ATGGCGACGGCCAGCGCCGCTGCACCAGCTTCTCGTCCCAGGCGACTGCTGTGCGCTCGAC
 ACCCTCTGCATGCCCATCCACGCTCCCAAGAAGAATACTGGCCGGCGGGCGGCACAGTGC
 TGTGCAGGGCCAGCGCGCGCCGGGGCGACGACGTCGATAGCCGCTCCTCTGGCTACCC
 CGGCGTGGAGTGCTCACCGGCCTGAGCGGCGTCGCCGCCGGCTTCGTGCGGTACCCGGACCT
 GGCGTCCATCGCCCTGGAGGCGAACCCTGGAGAGCTGCCGCCGGGGCGAGAAGGTGACGG
 ACAAGCTGGTGGAGTGCTCGGACCCGAACCGAGGCTTCCCCTGCCCGCCGGCGTCCGGATC

```

CCCATCGTCGACTTCACGCCGAGCGAACGGTGACGCGAATCCGCAGGCCGGCGCACCTCCT
GGACCCGGAGTACCAGGCCAAGTACAAGGAAGCCATCGGGAAGATGCGGGCGCTGGACAAGT
CGAACCCGCTGAGCTTCGCGGCGCAGGCCGCCGTCCACGAGTCTACTGCGACGGGCACTAC
CGGCTGGACCCGACGGAGAAGAACC GCCCTTCGACGTCCACTTCTCGTGGATCTTCGCGCC
GTGGCACC GCATGTACATCTACTTCTACGAGCGCGCCCTCGGCGACCTCATCGGCGACGACA
CCTTCGCGCTGCCGTACTGGAGCTGGGACACGCCGGCCGGCATGGGGATACCTGCCGTCTTC
AAGGGGTCTCCACGGCCGAAAACCCGCTGTTTCGACCCCTACCGCAACATGGATAACAAGGA
CGCCCTGATCGACCTGGACTACCTGAAAACCCCCAGACGGCCGACCATCCCTTCAAGCCGC
CGCCGGAGTCGGACGCCGCCGCGCGCCAGGCGTACGACGACGCCGTTTCGGACCAACCTTTC
ACCATATACATTCAGGTAATCAATCAAGGTGTGTACATACATAGATTTCGTTTGAAATGGCT
AGCTCTTGATTTTGTGGCCTTGTGTATGTATGTAGCAAGTCCGTGACGGCAAGGATGG
CGCACACGACGGTGCACGTGTGGGCCGGCAGGTCGAGCCCCAAGGCTCCGGCCACCTGCTCC
GTGGACGGAGGCGGGGTGGTGGGGCACGACGGCCAGCCGCACTGCAACAACGACATGGGGTT
CCTGGGCACGGCGGGGCGGGACCCGCTCTTCTACTCGCACCACGCCAACGTGGACCCGGATGT
GGCACCTCTGGTCCACCAGGCTCGGCGGCAGGGGCTTCGACGACCCGGAGTGGCTGGACACC
AGCTTCGTCTTCTACGACGACGTCAAGAGCCCGCGGCTGGTGC GGATGAAGTTCCGCGACGT
GCTCGACACGGCCAACCTCGGGTACACCTACGACAAGGAGTCGGAGGCGGCGCTGCCGTGGC
TGAAGAGCAAGCCACCCGGTTCGCGCCGGCAAGACGACCAGGTCGCGCCGGCGAAGCCC
AAGGTGGTGTTCGGAGTTCCTCGCTGACCCTGACGAAGGAGGCCGTGGACGTACCGTCGGTGGC
GATCCCGGCGAAGCAGCCCGGGAAGGACCTGGTGTGCTCATCGAGGGCATCGAGTATGACC
CCCAGATCAACAACAAGTTCGACGTATCATCAACGTGCCCAAGGAGGACGCCGGCATGGTG
GGGCCAAGGACTGCGAGTACGCCGGCAGCTTCACCGCAGTGCCAGCTCCAACGCCGCCGG
CGGGACGCTCGTGGGGAAGGTCACGCTTTCATCGACGGCGTGCTGGAAGACCTCGGGCTCA
CCGGCGAGAGCGCCGTCGACATCGTACTGGTTCCTCACACGGACGAGGAAATCAAGATCTAC
CTGCCCCCGACCATCGAGAACGCATGAGGCCCGTGC GTACCTCGGCGAGAAGCTGTGCAGC
GAGGCGAGCTCCCGGG

```



>QPEU01254870.1_CNGB variedade SP80-3280 [AA]

```

MATASAACTSF LVPATAVASTPSACPSTLPKKNTRRRRTVLCRASGGGRGDDVDSRLLWLP
RRGVLTLGSLGVAAGFVGYPDLASIALEANPVESCRRGEKVTDKLVESCDPNRGFPCPPASRI
PIVDFTPERTVTRIRRPAHLLDPEYQAKYKEAIGKMRALDKSNPLSFAAQAAVHESYCDGHY
RLDPTEKNRPF DVHFSWIFAPWHRMYIYFYERALGDLIGDDTFALPYWSWDT PAGMGIPAVF
KGVSTAENPLFDPYRNMDNKDALIDL DYLKTPRRPTIPFKPPESDAAARQAYDDAVRTNLS
TIYIQVINQGVYIHRFVWKWLALDFVWPCLYVCSKSVTARMAHTTVHVWAGRSSPKAPATCS
VDGGGVVGHGDGQPHCNNDMGFLGTAGRDPLFYSHHANVDRMWHLWSTRLGGRGFDDPEWLDT
SFVFDVVKSPRLVVRM KFRDVLDTANLGYTYDKESEALPWLKSKPTRFSAGKTTRSAPAKP
KVVSEFPLTLTKEAVDVPSVAIPAKQPGKDLVLLIEGIEYDPQINNKF DVIINVPKEDAGMV
GPKDCEYAGSFTAVPSSNAAGGTLVGKVT L FIDGVLEDLGLTGESAVDI VLPHTDEEIKIY
LPPTIENA*

```

NCBI

Conserved Domains

Conserved domains on [lcl|seqsig_MATAS_f886ecca74f4af2823b084b5b9e8ec43] View

QPEU01254870.1 cultivar SP80-3280 [AA]

Protein Classification

Tyrosinase and PPO1_DWL domain-containing protein (domain architecture ID 10447091)
protein containing domains Tyrosinase, PPO1_DWL, and PPO1_KFDV

Graphical summary Zoom to residue level

Query seq.

Specific hits

Superfamilies

List of domain hits

| # | Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|-----|------------------------|-----------|---|----------|----------|
| [+] | Tyrosinase | pfam00264 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 168-417 | 1.82e-32 |
| [+] | PPO1_KFDV super family | cl15965 | Protein of unknown function (DUF_B2219); This domain family is found in eukaryotes, and is ... | 502-619 | 2.48e-22 |
| [+] | PPO1_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain. This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 426-481 | 3.65e-20 |

ShPPO18-QPEU01212152.1-Saccharum hybridum variedad SP80-3280

> QPEU01212152.1 variedad SP80-3280 [DNA]

```

ATGGCGACGGCCAGCGCCGCCTGCACCAGCTTCCTCGTCCC GGCAACTGCTGTGCGCCTCGAC
ACCCTCTGCATGCCCATCCACGCTCCCCAAGAAGAATGCTGGCCGGCGGGCGGCACAGTGC
TGTGCAGGGCCAGCGGCGGGCGGGCGGCGACGACGTCGATAGCCGCCTCCTCTGGCTACCC
CGGCGTGGAGTGCTCACCGGCCTGAGCGGCGTCGCCGCCGGCTTCGTCGGGTACCCGGACCT
GGCGTCCATCGCCCTGGAGGGCAACCCCGTGGAGAGCTGCCGCCGGGGCGAGAAGGTGACGG
ACAAGCTGGTGGAGTGCTCGGACCCGAACCGAGGCTTCCCCTGCCCGCCGGCGTCGCGGATC
CCATCGTCGACTTCACGCCGAGCGAACGGTGACGCGCATCCGCAGGCCGGCGCACCTCCT
GGAACCGGAGTACCAGGCGAAGTACAAGGAAGCCGTCGGGAAGATGCGGGCGCTGGACAAGT
CGAACCCGCTGAGCTTCGCGGCTCAGGCGGCGCTCCACGAGTCTACTGCGACGGGCACTAC
CGGCTGGACCCGACGGAGAAGAACC GCCCTTCGACGTCCACTTCTCGTGGATCTTCGCGCC
GTGGCACCGCATGTACATCTACTTCTACGAGCGGCCCTCGGCGACCTCATCGGCGACGACA
CCTTCGCACTGCCGTACTGGAGCTGGGACACGCCGGCCGGCATGGGGATACCTGCCGTCTTC
AAGGGGTCTCCACGGCCGAAAACCCGCTGTTTCGACCCCTACCGCAACATGGACAACAAGGA
CGCCCTGATCGACCTGGACTACCTGAAAACCCCAAACGGCCGACCATCCCCTTCAAGCCGC
CGCCGGAATCGGACGCCCGCCGCGGCCAGGCGTACGACGACGCCGTTTCGGACCAACCTTGCC
ACCATATACATTCAGGTAATCAATCAAGGTGTGTACATACATAGATTTCGTTTGAAATGGCT
ACCTCTTGATTTTGTGGCTTGTGGTATGTATGTAGCAAGTCCGTGACGGCAAGGGGCC
CCGTGCGTACCTCGGCGAGAAGCTGTGCAGCGAGGCGAGCTCCCGGGTGAAGGAGGTGAACG
AGCGTTCCAAGAGGCGGCAAGGAGCCGGCGGCGCCGAAGGTGAAGGCGAGCAACGCGCAG
GGCACGCTGGAGCGGATGGCGCACACGACGGTGCACGTGTGGGCCGGCAGGTTCGAGCCCAA
GGCTCCGGCCACCTGCTCCGTGGACGGAGGCGGGGTGATGGGGCACGACGGCCAGCCGCACT
GCAACAACGACATGGGGTTCTTGGGCACGGCGGGGCGGGACCCGCTCTTCTACTCGCACCAC
GCCAACGTGGACCGGATGTGGCACCTCTGGTCCACCAGGCTCGGCGGCAGGGGCTTCGACGA
CCCGGAGTGGCTGGACACCAGCTTCGTCTTCTACGACGACGTCAAGAGCCCGCGGCTGGTGC
GGATGAAGTTCCGCGACGTGCTCGACACGGCCAACCTCGGGTACACCTACGACAAGGAGTGC
GAGGCGGCGCTGCCGTGGCTGAAGAGCAAGCCACCCGGTTCGCGCCGGCAAGACGACCAG
GTCCGCGCCGGCGAAGCCCAAGGTGGTGTGCGAGTTCGCGCTGACCCTGACGAAGGAGCCG
TGGACGTACCGTCCGTGGCGATCCCGGCGAAGCAGCCCGGGAAGGACCTGGTGTGCTCATC
GAGGGCATCGAATACGACCCCAAGATCAACAACAAGTTCGACGTCATCATCAACGTGCCCAA
GGAGGACGCCGGCATGGTGGGGCCCAAGGACTGCGAGTACGCCGGCAGCTTCACCGCCGTGC
CGAGCTCCAACGCCAGCGGCGGGACGCTCGTGGGAAGGTCACGCTCTTCATCGACGGCGTG
CTGGAAGACCTCGGGCTCACCGGCGAGAGCACCGTGCACATCGTGCTGGTTCCTCACACGGA
CGAGGAGATCAAGATCTACCTGCCCCGACCATCGAGAACGCATGATGAGATCACTGGCTCA

```

TCAACAGCCGCACGCACTGCTGGCTGTTATCTTCACCGCCGCCGGCGCGTGAGCAGTGGCGA
TTTTTTTAATAAGGCTTAA

Conserved domains on [lcl|seqsig_ATGGC_77f5dd534a22f744af623bc7e622d82]

Local query sequence

Graphical summary Zoom to residue level [show extra options >](#)

RF #1 Superfamilies: Tyrosinase

RF #2 Superfamilies: PRK12678

RF #3 Specific hits Superfamilies: Tyrosinase, PPO1_DWL, PPO1_KFDV

RF -1 Superfamilies: PRK07764

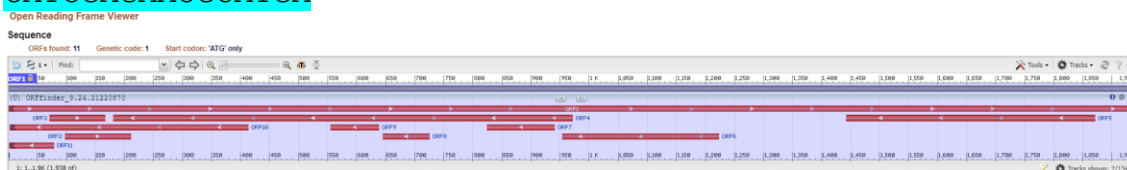
List of domain hits

| # | Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|-----|------------------------|-----------|---|-----------|----------|
| [H] | Tyrosinase | pfam00264 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 502-957 | 4.35e-17 |
| [H] | PRK12678 super family | d35163 | transcription termination factor Rho. Provisional | 1460-1999 | 9.88e-04 |
| [H] | PPO1_KFDV super family | c15965 | Protein of unknown function (DUF_BZ219). This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and is ... | 1647-2000 | 2.23e-21 |
| [H] | PPO1_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain. This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 1419-1566 | 4.07e-21 |
| [H] | Tyrosinase | pfam00264 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 1179-1394 | 5.29e-12 |
| [H] | PRK07764 super family | d35613 | DNA polymerase III subunits gamma and tau; Validated | 1240-1731 | 5.48e-03 |

>QPEU01212152.1_CNGB variedade SP80-3280 [CDS]

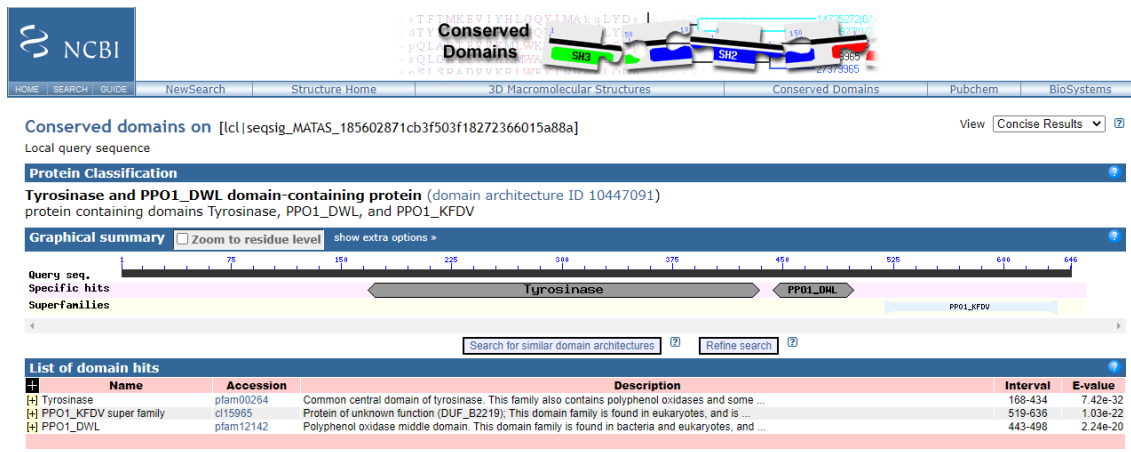
ATGGCGACGGCCAGCGCCGCCTGCACCAGCTTCCTCGTCCC GGCAACTGCTGTCGCCTCGAC
ACCCTCTGCATGCCATCCACGCTCCCCAAGAAGAATGCTGGCCGGCGGGCGGCACAGTGC
TGTGCAGGGCCAGCGGCGGGCGGGGGCGACGACGTCGATAGCCGCCTCCTCTGGCTACCC
CGGCGTGGAGTGCTCACC GGCTGAGCGGCGTCCCGCCGGCTTCGTCCGGTACCCGGACCT
GGCGTCCATCGCCCTGGAGGCGAACCCCGTGGAGAGCTGCCGCCGGGGCGAGAAGGTGACGG
ACAAGCTGGTGGAGTGCTCGGACCCGAACCGAGGCTTCCCCTGCCGCCGGCGTCCGGATC
CCCATCGTCTGACTTCACGCCGAGCGAACGGTGACGCGCATCCGCAGGCCGGCGCACCTCCT
GGAACCGGAGTACCAGGCGAAGTACAAGGAAGCCGTCCGGGAAGATGCGGGCGCTGGACAAGT
CGAACCCGCTGAGCTTCGCGGCTCAGGCGGCCGTCACGAGTCTACTGCGACGGGCACTAC
CGGCTGGACCCGACGGAGAAGAACC GCCCTTCGACGTCCACTTCTCGTGGATCTTCGCGCC
GTGGCACCGCATGTACATCTACTTCTACGAGCGCGCCCTCGGCGACCTCATCGGCGACGACA
CCTTCGCACTGCCGTACTGGAGCTGGGACACGCCGGCCGGCATGGGGATACCTGCCGCTTTC
AAGGGGGTCTCCACGGCCGAAAACCCGCTGTTTCGACCCCTACCGCAACATGGACAACAAGGA
CGCCCTGATCGACCTGGACTACCTGAAAACCCCAACGGCCGACCATCCCCTTCAAGCCGC
CGCCGGAATCGGACGCCGCCGCGCCAGGCGTACGACGACGCCGTTCCGGACCAACCTTGCC
ACCATATACATTCAGGTAATCAATCAAGGTGTGTACATACATAGATTCGTTTGAAATGGCT
ACCTCTTGATTTTGTGGCCTTGTGGTATGTATGTAGCAAGTCCGTGACGGCAAGGGGCC
CCGTGCGTACCTCGGCGAGAAGCTGTGCAGCGAGGCGAGCTCCCGGGATGGCGCACACGACG
GTGCACGTGTGGGCCGAGGTCGAGCCCCAAGGTCGGCCACCTGCTCCGTGGACGGAGG
CGGGGTGATGGGGCACGACGGCCAGCCGCACTGCAACAACGACATGGGGTTCCCTGGGCACGG
CGGGGCGGGACCCGCTTCTACTCGCACCACGCCAACGTGGACCGGATGTGGCACCTCTGG
TCCACCAGGCTCGGCGCAGGGGCTTCGACGACCCGAGTGGCTGGACACCAGCTTCGTCTT
CTACGACGACGTCAAGAGCCCGCGGCTGGTGC GGATGAAGTTCCGCGACGTGCTCGACACGG
CAAACCTCGGGTACACCTACGACAAGGAGTCCGAGGCGGGCGTCCGCTGGCTGAAGAGCAAG
CCCACCCGTTCTCGGCCGGCAAGACGACCAGGTCGCGCCGGCGAAGCCCAAGGTGGTGT
GGAGTTCGCGTACCCCTGACGAAGGAGGCGTGGACGTACCGTCCGTGGCGATCCCGGCCGA
AGCAGCCCGGAAGGACCTGGTGTGCTCATCGAGGGCATCGAATACGACCCCCAGATCAAC
ACAAGTTCGACGTCATCATCAACGTGCCCAAGGAGGACGCCGGCATGGTGGGGCCCAAGGA
CTGCGAGTACGCCGGCAGCTTCACCGCCGTGCCGAGCTCCAACGCCAGCGGGGACGCTCG

TGGGGAAGGTCACGCTCTTCATCGACGGCGTGCTGGAAGACCTCGGGCTCACCGGCGAGAGC
 ACCGTCGACATCGTGCTGGTTCCCTCACACGGACGAGGAGATCAAGATCTACCTGCCCCGAC
 CATCGAGAACGCATGA



>QPEU01212152.1_CNGB variedade SP80-3280 [AA]

MATASAACTSF LVPATAVASTPSACPSTLPKKNAGRRTVLCRASGGGRGDDVDSRLLWLP
 RRGVLTGLSGVAAGFVGYPLDASIALEANPVESCRGKVTDKLVECSDPNRFPCPPASRI
 PIVDFTPERTVTRIRRPAHLLPEYQAKYKEAVGKMRALDKSNPLSFAAQAAVHESYCDGHY
 RLDPTTEKNRPFVHFSWIFAPWHRMYIYFYERALGDLIGDDTFALPYWSWDTPAGMGI PAVF
 KGVSTAENPLFDPYRNMDNKDALIDL DYLKTPKRPTIPFKPPESDAAARQAYDDAVRTNLA
 TIYIQVINQGVYIHRFVWKWLP LDFVWPCLYVCSKSVTARGPVRTSARSCAARRAPGMAHTT
 VHVWAGRSSPKAPATCSVDGGGVMGHGQPHCNNDMGFLGTAGRDPLFYSHHANVDRMWHLW
 STRLGGRGFDDEPWLDTSFVFDVVKSPRLVRMKFRDVLDTANLGYTYDKESEAALPWLKSK
 PTRFSAGKTRRSAPAKPKVVSEFPLTLTKEAVDVPSVAIPAKQPGKDLVLLIEGIEYDPQIN
 NKFVDVINPKEDAGMVGPKDCEYAGSFTAVPSSNASGGTLVGKVTFLFDGVLEDLGLTGES
 TVDIVLVPHTDEEIKIYLPPTIENA*



ShPPO19-QPEU01165280.1-Saccharum hybridum variedade SP80-3280

>QPEU01165280.1 variedade SP80-3280 [DNA]

ATGGCGACGGCCAGCGCCGCCTGCACCAGCTTCCTCGTCCCGGCGACTGCTGTCGCCTCGAC
 ACCCTCTGCATGCCATCCACGCTCCCAAGAAGAATGCTGGCCGGCGGGCGGCACAGTGC
 TGTGCAGGGCCAGCGGCGGCGGGGCGACGACGTCGATAGCCGCTCCTCTGGCTACCC
 CGGCGTGGAGTGCTCACCGGCCTGAGCGGCGTCCCGCGGCTTCGTCGGGTACCCGGACCT
 GCGTCCATCGCCCTGGAGGCGAACCCCGTGGAGAGCTGCCGCGGGGCGAGAAGGTGACGG
 ACAAGCTGGTGGAGTGCTCGGACCCGAACCGAGGCTTCCCGTGCCGCGGCGTCCGGATC
 CCCATCGTCGACTTCACGCCGAGCGAACGGTGACGCGAATCCGCAGGCCGGCGCACCTCCT
 GGACCCGGAGTACCAGGCCAAGTACAAGGAAGCCGTCGGGAAGATGCGGGCGCTGGACAAGT
 CGAACCCGCTGAGCTTCGCGGCGCAGGCGGCGTCCACGAGTCTACTGCGACGGGCACTAC
 CGGCTGGACCCGACGGAGAAGAACC GCCCTTCGACGTCCACTTCTCGTGGATCTTCGCGCC
 GTGGCACCGCATGTACATCTACTTCTACGAGCGGCCCTCGGCGACCTCATCGGCGACGACA
 CCTTCGCGCTGCCGTACTGGAGCTGGGACACGCCGCGCGCATGGGGATACCGGCCGTCTTC
 AAGGGGTCTCCACGGCCGAAACCCGCTGTTTCGACCCCTACCGCAACATGGACAACAAGGA

CGCCCTGATCGACCTGGACTACCTGAAAACCCCCAAACGGCCGACCATCCCCTTCAAGCCGC
 CGCCGGAGTCGGACGCCGCCGCGCGCCAGGCGTACGACGACGCCGTTTCGGACCAACCTTTCC
 ACCATATACATTCAGGTAATCAATCAAGGTGTGTACATACATAGATTTCGTTTGGAAATGGCT
 AGCTCTTGATTTTGTGGCCTTGTGGTATGTATGTAGCAAGTCCGTGACGGCAAGGGGCC
 CCGTGCGTACTTCGGCGAGAAGCTGTGCAGCGAGGCGAGCTCCCGGGTGAAGGAGGTGAACG
 AGCGTTCGAAGAGGCGGCAAGGAGCCGGCGCGCCGAAGGTGAAGGCGAGCAACGCACAG
 GGCACGCTGGAGCGGATGGCGCACACGACGGTGCACGTGTGGGCCGGCAGGTTCGAGCCCCAA
 GGCTCCGGCCACCTGCTCCGTGGACGGAGGCGGGGTGGTGGGGCACGACGGCCAGCCGCACT
 GCAACAACGACATGGGGTTCCCTGGGCACGGCGGGGCGGGACCCGCTCTTCTACTCGCACCAC
 GCCAACGTGGACCGGATGTGGCACCTCTGGTCCACCAGGCTCGGCCGGCAGGGGCTTCGACGA
 CCCGGAGTGGCTGGACACCAGCTTCGTCTTCTACGACGACGTCAAGAGCCC GCGGCTGGTGC
 GGATGAAGTTCGCGACGTGCTCGACACGGCCAACCTCGGGTACACCTACGACAAGGAGTCCG
 GAGGCGGCGCTGCCGTGGCTGAAGAGCAAGCCCACCCGGTTCCTCGCCCCGGCAAGACGACCAG
 GTCCGCGCCGGCGAAGCCCAAGGTGGTGTCCGGAGTTCCCGCTGACCCTGACGAAGGAGGCCG
 TGGACGTACCGTCCGTGGCGATCCCGGCCAAGCAGCCCGGGAAGGACCTGGTGTGCTCATC
 GAGGGCATCGAGTACGACCCCGAGATCAACAACAAGTTCGACGTCATCATCAACGTGCCCAA
 GGAGGACGCCGGCATGGTGGGGCCCAAGGACTGCGAGTACGCCGGCAGCTTCACCGCCGTGC
 CAAGCTCCAACGCCAGCGGCGGGACGCTCGTGGGGAAGGTCACGCTCTTCATCGACGGCGTG
 CTGGAAGACCTCGGGCTCACCGGCGAGAGCGCCGTGACATCGTGCTGGTTCCTCACACGGA
 CGAGGAGATCAAGATCTACCTGCCCCCGACCATCGAGAACGCATGATGAGATCACTGGCTCA
 TCAACAGCCGCACGCACTGCTGGCTGTTATCTTCACCGCCCGCGCGCTGAGCAGTGCCGA
 TTTTTTTAATAAGGCTTAA

NCBI

Conserved Domains

HOME SEARCH GUIDE NewSearch Structure Home 3D Macromolecular Structures Conserved Domains Pubchem BioSystems

Conserved domains on [lcl|seqsig_ATGCG_23c064d9e18790c3addc2d915d0a6008] View Concise Results

Local query sequence

Graphical summary Zoom to residue level show extra options

RF #1 Superfamilies Tyrosinase

RF #2 Superfamilies PRK12678

RF #3 Specific hits PPO1_DWL PPO1_KFDV

Search for similar domain architectures Refine search

| # | Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|-----|------------------------|-----------|---|-----------|----------|
| [H] | Tyrosinase | pfam00264 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 25-480 | 1.14e-14 |
| [H] | PRK12678 super family | c136163 | transcription termination factor Rho; Provisional | 983-1522 | 2.63e-04 |
| [H] | PPO1_KFDV super family | c115965 | Protein of unknown function (DUF_B2219). This domain family is found in eukaryotes, and is ... | 1170-1523 | 5.91e-21 |
| [H] | PPO1_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain. This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 942-1109 | 5.92e-21 |
| [H] | Tyrosinase | pfam00264 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 702-917 | 3.22e-12 |

>QPEU01165280.1_CNGB variedade SP80-3280 [CDS]

ATGGCGACGGCCAGCGCCGCTGCACCAGCTTCCTCGTCCCGGCGACTGCTGTGCTCGCCTCGAC
 ACCCTCTGCATGCCATCCACGCTCCCAAGAAGAATGCTGGCCGGCGGCGGCGCACAGTGC
 TGTGCAGGGCCAGCGCGGCGGCGGGGCGACGACGTCGATAGCCGCTCCTCTGGCTACCC
 CGGCGTGGAGTGTACCCGGCCTGAGCGGCGTCCCGCCGGCTTCGTCGGGTACCCGGACCT
 GGCGTCCATCGCCCTGGAGGCGAACCCTGGAGAGCTGCCGCCGGGGCGAGAAGGTGACGG
 ACAAGCTGGTGGAGTGTCCGACCCGAACCGAGGCTTCCTCGTCCCGCCGGCGTCCGGATC
 CCCATCGTCGACTTCACGCCGGAGCGAACGGTGCAGCGAATCCGCAGGCCGGCGCACCTCCT
 GGACCCGGAGTACCAGGCGAAGTACAAGGAAGCCGTCCGGAAGATGCGGGCGCTGGACAAGT
 CGAACCCGCTGAGCTTCGCGGCGCAGGCGGCGTCCACGAGTCTACTGCGACGGGCACTAC
 CGGCTGGACCCGACGGAGAAGAACCCTTCGACGTCCACTTCTCGTGGATCTTCGCGCC
 GTGGCACCGCATGTACATCTACTTCTACGAGCGGCGCCCTCGGCGACCTCATCGGCGACGACA
 CCTTCGCGCTGCCGTACTGGAGCTGGACACGCCGGCCGGCATGGGGATAACCGCCGCTTTC

AAGGGGGTCTCCACGGCCGAAAACCCGCTGTTTCGACCCCTACCGCAACATGGACAACAAGGA
 CGCCCTGATCGACCTGGACTACCTGAAAACCCCAAACGGCCGACCATCCCCTTCAAGCCGC
 CGCCGGAGTCGACGCGCCGCGCGCCAGGCGTACGACGACGCCGTTTCGACCAACCTTTC
 ACCATATACATTCAGGTAATCAATCAAGGTGTGTACATACATAGATTTCGTTTGGAAATGGCT
 AGCTCTTGATTTTGTGGCCTTGTGGTATGTATGTAGCAAGTCCGTGACGGCAAGGGGCC
 CCGTGCCTACTTCGGCGAGAAGCTGTGCAGCGAGGCGAGCTCCCGGGATGGCGCACACGACG
 GTGCACGTGTGGGCCCGCAGGTCGAGCCCCAAGGCTCCGGCCACCTGCTCCGTGGACGGAGG
 CGGGGTGGTGGGGCAGACGGCCAGCCGCACTGCAACAACGACATGGGGTTCCTGGGCACGG
 CGGGGCGGGACCCGCTCTTCTACTCGCACCACGCCAACGTGGACCGGATGTGGCACCTCTGG
 TCCACCAGGCTCGGGCGCAGGGGCTTCGACGACCCGGAGTGGCTGGACACCAGCTTCGTCTT
 CTACGACGACGTCAAGAGCCCGCGGCTGGTTCGGATGAAGTTCGCGACGTGCTCGACACGG
 CCAACCTCGGGTACACCTACGACAAGGAGTCGGAGGCGGCGCTGCCGTGGCTGAAGAGCAAG
 CCCACCCGGTTCTCGCCCGGCAAGACGACCAGGTCGCGCCGGCGAAGCCCAAGGTGGTGT
 GGAGTTCGCGCTGACCCTGACGAAGGAGGCCGTGGACGTACCGTCCGTGGCGATCCCGCGGA
 AGCAGCCCGGGAAGGACCTGGTGTCTCATCGAGGGCATCGAGTACGACCCCCAGATCAAC
 AACAAGTTCGACGTCATCATCAACGTGCCAAGGAGGACGCCGGCATGGTGGGGCCCAAGGA
 CTGCGAGTACGCCGGCAGCTTACCAGCGTGCCAAGCTCCAACGCCAGCGGGCGGACGCTCG
 TGGGGAAGGTCACGCTCTTCATCGACGGCGTGTGGAAGACCTCGGGCTCACCGGCGAGAGC
 GCCGTGCACATCGTGTGGTTCCTCACACGGACGAGGAGATCAAGATCTACCTGCCCCGAC
 CATCGAGAACGCATGA

Open Reading Frame Viewer



>QPEU01165280.1_CNGB variedade SP80-3280 [AA]

MATASAACTSF LVPATAVASTPSACPSTLPKKNAGRRTVLCRASGGGRGDDVDSRLWL
 RRGVLTGLSGVAAGFVGYPDLASIALEANPVE SCR RGEKVTDKLV ECSDPNRGFP
 CPPASRIPIVDFTPERTVTRIRRPAHLLDPEYQAKYKEAVGKMRALDKSNPLSFAAQA
 AVHESYCDGHYRLDPTEKNRPF DVHFSWIFAPWHRMYIYFYERALGDLIGDDTFALP
 YSWDTPAGMGIPAVFKGVSTAENPLFDPYRNMDNKDALIDL DYLKTPKRPTIPFKPP
 PESDAAARQAYDDAVR TNLS TIYIQVINQGVYIHRFVWKWLALDFVWPCLYVCSK
 SVTARGPVRTSARSCAARRAPGMAHTTVHWAGRSSPKAPATCSVDGGGVVGH
 DGQPHCNNDMGFLGTAGRDPLFYSHHANVDRMWHLWSTRLGGRGFDDPEWLDTS
 FVFYDDVKS PRLV RMKFRDVLDTANLGYTYDKESEAALPWLKSKPTRFSPGKT
 TRSAPAKPKVVSEFPLTLTKEAVDVPSVAIPAKQPGKDLVLLIEGIEYDPQIN
 NKFDVIINVPKEDAGMVGPKDCEYAGSFTAVPSSNASGGTLVGKVT L FIDGVL
 EDLGLTGESAVDIVLVPHTDEEIKIYLPPTIENA*

NCBI

Conserved Domains

HOME SEARCH GUIDE NewSearch Structure Home 3D Macromolecular Structures Conserved Domains Pubchem BioSystems

Conserved domains on [lcl|seqsig_MATAS_b8c9e837ad54ad43074c0715674e99b6] View [Concise Results]

QPEU01165280.1 cultivar SP80-3280 [AA]

Protein Classification

Tyrosinase and PPO1_DWL domain-containing protein (domain architecture ID 10447091)
 protein containing domains Tyrosinase, PPO1_DWL, and PPO1_KFDV

Graphical summary [Zoom to residue level] show extra options

Query seq. Specific hits Superfamilies

Tyrosinase PPO1_DWL PPO1_KFDV

List of domain hits

| # | Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|-----|------------------------|-----------|---|----------|----------|
| [4] | Tyrosinase | pfam0264 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 169-434 | 1.23e-31 |
| [4] | PPO1_KFDV super family | cl15965 | Protein of unknown function (DUF_B2219); This domain family is found in eukaryotes, and is ... | 519-636 | 3.81e-22 |
| [4] | PPO1_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain. This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 443-498 | 3.08e-20 |

ShPPO20-QPEU01080633.1-Saccharum hybridum variedade SP80-3280

>QPEU01080633.1_CNGB variedade SP80-3280 [DNA]

```

ATGCGGGCGATGGACAAGTCGAACCCGCTGAGCTTCGCGGCGCAGGCGGCCGTCCACGAGTC
CTACTGCGACGGGCACCTACCGGCTGGACCCGACGGAGAAGAACCGCCCTTCGACGTCCACT
TCTCGTGGATCTTCGCGCCGTGGCACCGCATGTACATCTACTTCTACGAGCGCGCCCTCGGC
GACCTCATCGGCGACGACACCTTCGCGCTGCCGTACTGGAGCTGGGACACGCCGGCCGGCAT
GGGGATACCTGCCGTCTTCAAGGGGGTCTCCACGGCCGAAAACCCGCTGTTTCGACCCCTACC
GCAACATGGATAACAAGGACGCCCTGATCGACCTGGACTACCTGAAAACCCCAACCGGCCG
ACCATCCCCTTCAAGCCGCCGCCGGAGTCGGACGCCGCCGCGCCAGGCGTACGACGACGC
CGTTCGGACCAACCTTCCACCATATACATTCAGGTAATCAATCAAGGTGTGTACATACATA
GATTCGTTTGGAAATGGCTAGCTCTTGATTTTGTGGCCTTGTGTGTATGTATGTAGCAAG
TCCGTGACGGCAAGGGGCCCCGTGCGTACCTCGGCGAGAAGCTGTGCAGCGAGGCGAGCTCC
CGGGTGAAGGAGGTGAACGAGCGTTCCAATAGGCGGCAAGGAGCCGGCGGCGCCGAAGGT
GAAGGCGAGCAACGCACAGGGCACGCTGGAGCGGATGGCGCACACGACGCTGCACGTGTGGG
CCGGCAGGTCGAGCCCCAAGGCTCCGGCCACCTGCTCCGTGGACGGAGGCGGGGTGGTGGGG
CACGACGGCAAGCCGCACTGCAACAACGACATGGGGTTCCTGGGCACGGCGGGGCGGGACCC
GCTCTTCTACTCGCACCACGCCAACATGGACCGGATGTGGCACCTCTGGTCCACCAGGCTCG
GTGGCAGGGGCTTCGACGACCCGGAGTGGCTGGACACCAGCTTCGTCTTCTACGACGACGTC
AAGAGCCCGCGGCTGGTGC GGATGAAGTTCCGCGACGTGCTCGACACGGCCAACCTCGGGTA
CACCTACGACAAGGAGTCGGAGGCGGCGCTGCCGTGGCTGAAGAGCAAGCCACCCGGTTCT
CGGCCGGAAGACGACCAGGTCGCGCGCCGGCGAAGCCCAAGGTGGTGTGGAGTTCCCGCTG
ACCCTGACGAAGGAGGCCGTCGACGTACCGTCGGTGGCGATCCCGGCGAAGCAGCCCGGGAA
GGACCTGGTGTGCTCATCGAGGGCATCGAGTACGACCCCCAGATCAACAACAAGTTCGACG
TCATCATCAACGTGCCAAGGAGGACGCCGGCATGGTGGGGCCCAAGGACTGCGAGTACGCC
GGCAGCTTACC CGCAGTGCCAGCTCCAACGCCCGCGGGACGCTCGTGGGGAAGGTGAC
GCTCTTTCATCGACGGCGTGTGGAAGACCTCGGGCTCACCGGCGAGAGCGCCGTCGACATCG
TGCTGGTTCCTCACACGGACGAGGAGATCAAGATCTACCTGCCCCCGACCATCGAGAACGCA
TGATGAGATCACTGGCTCATCAACAGCCGCACGCACTGCTGGCTGTTATCTTACC GGCCGCC
GGCGCGTGAGCAGTGGCGATTTTTTTTTAATAAGGCTTAAAAAATAAATTAGTACGATGTCTT
ACTCCTGCCGTATGAT
  
```

NCBI

Conserved Domains

Conserved domains on [lcl|seqsig_ATGCG_76ca7a3f70a1b71db466b53504f28b1d] View **Concise Results**

Local query sequence

Graphical summary Zoom to residue level show extra options

RF #1 Superfamilies Tyrosinase

RF #2 Superfamilies PRK12678

RF #3 Specific hits Superfamilies Tyrosinase PPO1_DWL PPO1_KFDV

RF -2 Superfamilies PRK07764

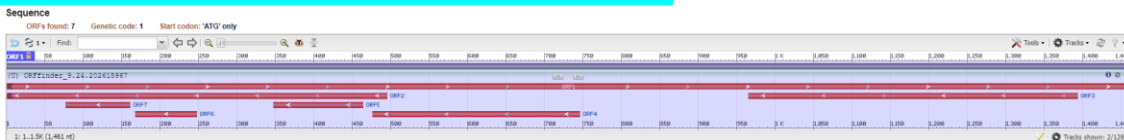
Search for similar domain architectures Refine search

| # | Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|-----|------------------------|-----------|---|-----------|----------|
| [H] | Tyrosinase | pfam00264 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 25-480 | 1.16e-14 |
| [H] | PRK12678 super family | c35163 | transcription termination factor Rho; Provisional | 933-1522 | 9.72e-05 |
| [H] | PPO1_KFDV super family | c15965 | Protein of unknown function (DUF_82219). This domain family is found in eukaryotes, and is ... | 1170-1523 | 2.84e-21 |
| [H] | PPO1_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain. This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 942-1109 | 5.32e-21 |
| [H] | Tyrosinase | pfam00264 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 702-917 | 1.85e-11 |
| [H] | PRK07764 super family | c35613 | DNA polymerase III subunits gamma and tau. Validated | 676-1254 | 9.02e-03 |

>QPEU01080633.1_CNGB variedade SP80-3280 [CDS]


```

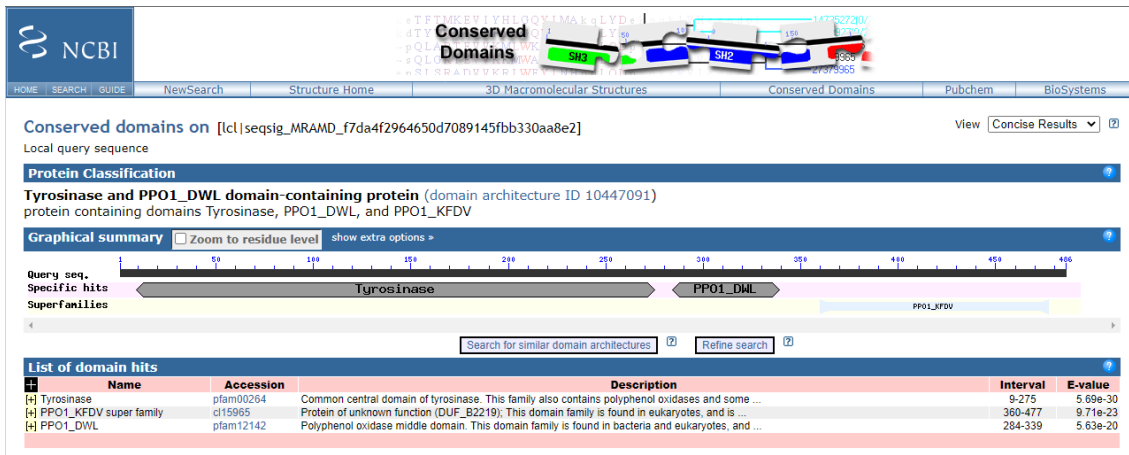
ATGCGGGCGATGGACAAGTCGAACCCGCTGAGCTTCGCGGGCGCAGGCGGCCGTCCACGAGTC
CTACTGCGACGGGCACTACCGGCTGGACCCGACGGAGAAGAACC GCCCCTTCGACGTCCACT
TCTCGTGGATCTTCGCGCCGTGGCACCGCATGTACATCTACTTCTACGAGCGCGCCCTCGGC
GACCTCATCGGCGACGACACCTTCGCGCTGCCGTACTGGAGCTGGGACACGCCGGCCGGCAT
GGGGATACTGCCGTCTTCAAGGGGGTCTCCACGGCCGAAAACCCGCTGTTTCGACCCCTACC
GCAACATGGATAACAAGGACGCCCTGATCGACCTGGACTACCTGAAAACCCCAAACGGCCG
ACCATCCCCTTCAAGCCGCCGCCGGAGTCGGACGCCGCCGCGCCAGGCGTACGACGACGC
CGTTCGGACCAACCTTTCACCATATACATTCAGGTAATCAATCAAGGTGTGTACATACATA
GATTCGTTTGGAAATGGCTAGCTCTTGATTTTGTGGCCTTGTGTGTATGTATGTAGCAAG
TCCGTGACGGCAAGGGGCCCGTGCCTACCTCGGCGAGAAGCTGTGCAGCGAGGCGAGCTCC
CGGGATGGCGCACACGACGGTGCACGTGTGGGCCGGCAGGTCGAGCCCCAAGGCTCCGGCCA
CTGCTCCGTGGACGGAGGCGGGGTGGTGGGGCACGACGGCAAGCCGCACTGCAACAACGAC
ATGGGGTTCTGGGCACGGCGGGGCGGGACCCGCTCTTCTACTCGCACCACGCCAACATGGA
CCGGATGTGGCACCTCTGGTCCACCAGGCTCGGTGGCAGGGGCTTCGACGACCCGGAGTGGC
TGGACACCAGCTTCGTCTTCTACGACGACGTCAAGAGCCCGCGGCTGGTGC GGATGAAGTTC
CGCGACGTGCTCGACACGGCCAACCTCGGGTACACCTACGACAAGGAGTCGGAGGCGGGCGCT
GCCGTGGCTGAAGAGCAAGCCACCCGGTTCTCGGCCGGCAAGACGACCAGGTCCGCGCCGG
CGAAGCCCAAGGTGGTGTGGAGTTCCTGACCCTGACGAAGGAGGCCGTCGACGTACCG
TCGGTGGCGATCCCGGCGAAGCAGCCCGGAAGGACCTGGTGTGCTCATCGAGGGCATCGA
GTACGACCCCCAGATCAACAACAAGTTCGACGTATCATCAACGTGCCAAGGAGGACGCCG
GCATGGTGGGGCCCAAGGACTGCGAGTACGCCGGCAGCTTCACCGCAGTGCCCGAGTCCAAC
GCCCGGGCGGGACGCTCGTGGGGAAGGTGACGCTTTCATCGACGGCGTGTGGAAGACCT
CGGGCTCACCGGCGAGAGCGCCGTCGACATCGTGTGGTTCTCACACGGACGAGGAGATCA
AGATCTACCTGCCCCCGACCATCGAGAACGCATGA
    
```



>QPEU01080633.1_CNGB variedade SP80-3280 [AA]

```

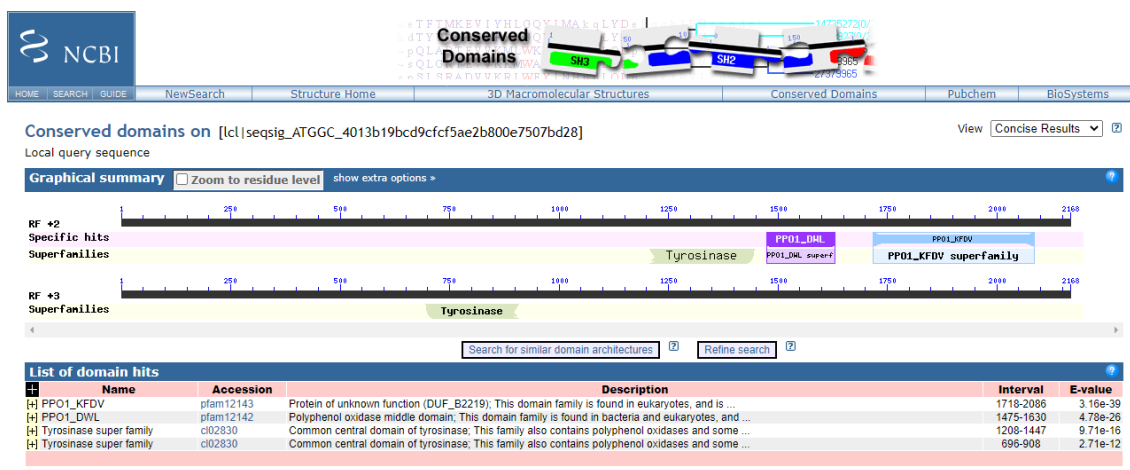
MRAMDKNPLSFAAQAAVHESYCDGHYRLDPTEKNRPFVDVHFSWIFAPWHRMYIYFYERALG
DLIGDDTFALPYWSWDT PAGMGI PAVFKGVSTAENPLFDPYRNMDNKDALIDL DYLKTPKRP
TIPFKPPESDAAARQAYDDAVRTNLSTIYIQVINQGVYIHRFVWKWLALDFVWPCLYVCSK
SVTARGPVRTSARSCAARRAPGMAHTTVHVWAGRSSPKAPATCSVDGGGVVGHDKPHCNND
MGFLGTAGRDFLFYSHHANMDRMWHLWSTR LGGRGFDDPEWLDTSFVFYDDVKS PRLVRMKF
RDVLDTANLGYTYDKESEAALPWLKSKPTRFSAGKTT RSAPAKPKVVSEFPLTLTKEAVDVP
SVAIPAKQPGKDLVLLIEGIEYDPQINNKFVDVI INVPKEDAGMVGPKDCEYAGSFTAVPSSN
AAGGTLVGKVTLFIDGVLEDLGLTGESAVDIVLVPHTDEEIKIYLPPTIENA*
    
```



ShPPO21-QPEU01146295.1-Saccharum hybridum variedade SP80-3280

>QPEU01146295.1 variedade SP80-3280 [DNA]

ATGGCCGTATCTCCCTCCGCATGCAGCATTTGACGAGCTAGGGATGGCGTCCTACGCCGTCT
TCCTTCGCTGTAACTCCCACGTGCGCACGTTCCCTACTTCCCTCGTCGCCGATGCAGTACAG
GCTGCACCGCGCCCAGCTTATATATATATCGCATCGTCTCCGAAGCTGCTAACCATTGCGCTC
TGCAAGTTTAAACCGGACATGGCCTCCATGTGCGATTTAATTGCTAAGCCAGCTCCAGCTGCC
ACCTTTCCTCTATCCTCTCCGACTCCGAGAACGAGCTCCGGCTTTAGGCCTCGCCGCGTCAC
CGTCCAGCGCGTCTCGTGCGCATCGCCCAGAGGCGGTGAACGCTCCGAGCAAGACGCCAAA
AGCACGACCGCTGCGACGTCTCCTGGGCTCGGGCTCTCGGTGCCAGTGCCACCGCCACC
CTGATGACCGCGCGCCGCGCCGGCGCCGACCCCGTCCGACGCCTGACATCTCTTCCCTGCGG
CCC GGCGGACCTTCCGCCGAGCGCCAACGTGCTGACGTGCTGCCACCGCCCTCGAACGCGC
TGCCGGTGGACTTCTCCCTCCCCGACGCCACGTCCCTGCCGCTCCGGACGCGCCCCGCGCG
CACTCGGTCAACCGGACTACGTGCGCAAGTTCAACGCCGGGATCGCCGCGATGAAGGCGCT
CCCGGCGGACGATCCGCGTAGCTTCGCGGCGCAGGCGAGCGTGCCTGCGCCTACTGCGACG
GGTCGTACAGCCCCGAGGGGTTCCCCGGCGTGGACCTCCAGGTGCACAACTCGTGGCTGTTT
TTCCCTTCCACCGGTGTTACCTCTACTTCTTCGAGCGCATCCTGGGCAGCCTGATCGGCGA
CCCCAGCTTCGCCGTACCGTCTGGAACCTGGGACGCGCCGGACGGGATGCGCATGCCGGCCA
TGTACGCGGATCCGTCGTCCAGCTGTTGATCCGCGGCGTGACGGCCGGCACGCGCCGCCG
AAGCTCATCAATCTCGACTACAACGGGAGGGAGCCGAGGTTCTTCACTGACAAACAGCAGGT
TGATCACAACCTCAGGGTCATGTACCGTCAGGTAACGTGTGGTTATATATTGTTGTTATGAA
CTGATGACAAAAGAATAGAAGAGATGGCCTCGGAATCTTGTCAAAACTGATCAAAACTTTTG
TGACGTGCATGGCCAAATTGATGTTGATGATCAGATGGTATCGCTGAGCCCGACGCCGTCG
CTCTTTTTTCGGCAGCGCGTACCGCGCAGGCGACGAGCCGAACCAGGGGCCAGGGCCGGTGG
GAACATCCCGCACGGCCCGGTGCACATCTGGTGCGGCGACCCGAACCAACCGGACGGCGAGG
ACATGGGCAACTTCTACTCGGCCGGGTTGACCCGCTCTTCTACGCGCACACGCCAACATC
GACCGCATGTGGTCCGTCTGGAAGGGGCTCGACGCCCGGCGCCACACGGACCTCACCGACCC
GGACTGGCTCGACGCCTCCTCCTCTTGTACGACGAGACCCCCAAGCTCGTGCGCATCCGCG
TGCGCGACGTGCTCGACACCGACAGGCTGCGGTACCGGTACCAGGACGTGCCCTGCCGTGG
ACGGCCGCCAGGCCAACCGTGACCGTGACCGCCGCGGCGGAGAGCGGACTCGTTGCTCGC
GCCCGCGGCGCAGGCCGCCGCCGCCGCAAGAAGGCGGGCGAGTTCCCCATCACGCTGGACG
AGGTGACGACCGTGACGGTGAAGAGGCCGGTTCGCGGTACAGAGGAGCAAGGCGGAGAAGGCG
TCCAAAGAGGAGGTGCTCGTCATCGACGGCATCGAGGTGGACAAGGACGTGGCCGCCAAGTT
CGACGTGTTTCGTGAACACCGAGGACCACGGCGCGGTAGGATCGGGCGGGCGGGAGCTCGCGG
GGAGCTTCGTGAACGTGCCGCACGGGCACGGGCATGGCCACGGGCACGGGCGCGGCAAGAAG
GGGAGAGGGATCAAAACCAAGCTGCGGCTCGCGTTGAACGAGCAGCTCGAGGACCTCAAGGC
CGAAGGCGACGAGAGCGTGGTGGTGACCCTCGTGCCGCGGCAAGGCAAGGGTAAGGTGAAGG
TCGGAGGCGTCAAGATTGAGCTGATGCATTGAAGAGTTTCGTTTACCATGCAAAAATAA

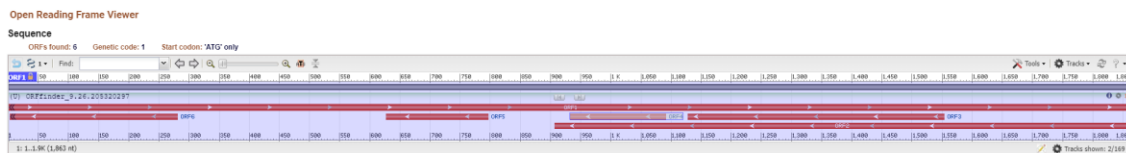


>QPEU01146295.1 variedade SP80-3280 [CDS]

```

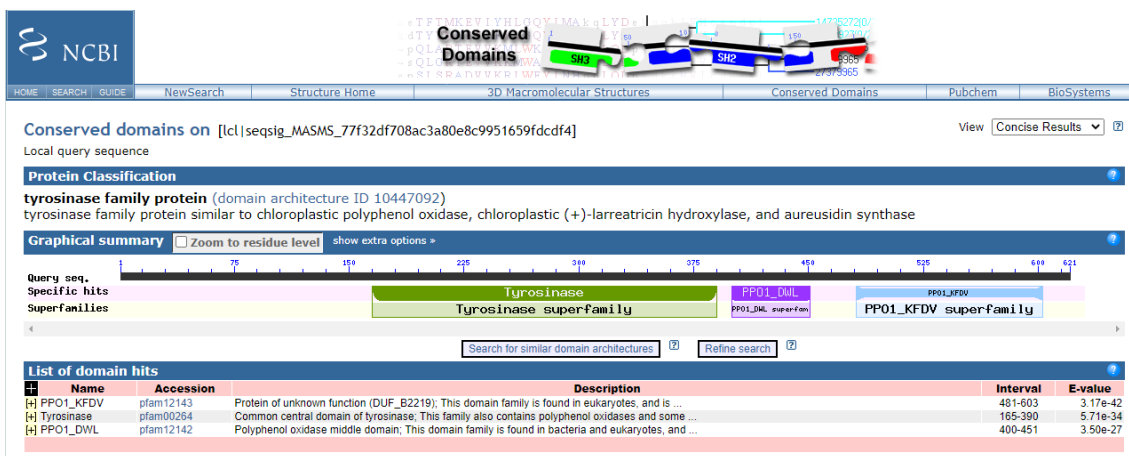
ATGGCCTCCATGTCGCATTTAATTGCTAAGCCAGCTCCAGCTGCCACCTTTCCTCTATCCTC
TCCGACTCCGAGAACGAGCTCCGGCTTTAGGCCTCGCCGCGTCACCGTCCAGCGCGTCTCGT
GCGCATCGCCAGAGGCGGTGAACGCTCCGAGCAAGACGCCAAAAGCACGACCGCTGCGAC
GTCCTCCTGGGCCTCGGCGCTCTCGGTGCCAGTGCCACCGCCACCCTGATGACCGCGCGCCG
CGCCGGCGCCGACCCCGTCGCCACGCCTGACATCTCTTTCCTGCGGCCCGCGGGACCTTCCGC
CGAGCGCCAACGTGCTGACGTGCTGCCACCGCCCTCGAACGCGCTGCCGGTGGACTTCTCC
CTCCCGACGCCACGTCCCTGCCGCTCCGGACGCGCCCCGCGCGCACTCGGTACCGCGGA
CTACGTCGCCAAGTTCAACGCCGGGATCGCCGCGATGAAGGCGCTCCCGCGGACGATCCGC
GTAGCTTCGCGGCGCAGGCGAGCGTGCACCTACTGCGACGGGTCGTACAGCCCCGAG
GGTTCCCGGCGTGGACCTCCAGGTGCACAACTCGTGGCTGTTTTTCCCCTTCCACCGGTG
TTACCTTACTTCTTCGAGCGCATCCTGGGCAGCCTGATCGGCGACCCAGCTTCGCCGTAC
CGTTCTGGAACCTGGGACGCGCCGGACGGGATGCGCATGCCGGCCATGTACGCGGATCCGTCCG
TCCAGCTGTTTCGATCCGCGGCGTGACGGCCGGCACGCGCCGCCGAAGCTCATCAATCTCGA
CTACAACGGGAGGGAGCCGAGGTTCTTCACTGACAAACAGCAGGTTGATCACAACCTCAGGG
TCATGTACCGTCAGGTAACGTGTGGTTATATATTGTTGTTAATGGCCAAATTGATGTTTCGAT
GATCAGATGGTATCGCTGAGCCCAGCGCCGTCGCTCTTTTTTCGGCAGCGCGTACCGCGCAGG
CGACGAGCCGAACCAGGGGCCAGGGCCGGTGGAGAACATCCCGCACGGCCCGGTGCACATCT
GGTGCGGCGACCCGAACCAACCGGACGGCGAGGACATGGGCAACTTCTACTCGGCCGGGTTCC
GACCCGCTCTTCTACGCGCACCCAGCCAACATCGACCGCATGTGGTCCGTCTGGAAGGGGCT
CGACGCCCGGCGCCACACGGACCTCACCGACCCGACTGGCTCGACGCCTCCTTCTCTTGT
ACGACGAGACCCCAAGCTCGTGCGCATCCGCGTGCGCGACGTGCTCGACACCGACAGGCTG
CGGTACCGGTACCAGGACGTGCCCTGCCGTGGACGGCCGCCAGGCCAACCGTGACCGTGAC
CGCCGCGGCGCGGAGAGCGGACTCGTTGCTCGCGCCCGCGGCGCAGGCCGCCGCCGCCCA
AGAAGGCGGGCGAGTTCATCACGCTGGACGAGGTGACGACCGTGACGGTGAAGAGGCCG
GTCGCGGTACAGAGGAGCAAGGCGGAGAAGGCGTCAAAGAGGAGGTGCTCGTCATCGACGG
CATCGAGGTGGACAAGGACGTGGCCGCCAAGTTCGACGTGTTTCGTGAACACCGAGGACCACG
GCGCGGTAGGATCGGGCGGGCGGGAGCTCGCGGGGAGCTTCGTGAACGTGCCGCACGGGCAC
GGGCATGGCCACGGGCACGGGCGCGGCAAGAAGGGGAGAGGGATCAAACCAAGCTGCGGCT
CGCGTTGAACGAGCAGCTCGAGGACCTCAAGGCCGAAGGCGACGAGAGCGTGGTGGTGACCC
TCGTGCCGCGCAAGGCAAGGTAAGGTGAAGGTTCGAGGCGTCAAGATTGAGCTGATGCAT
TGA

```



>QPEU01146295.1_Fugian variedadde SP80-3280 [AA]

MASMSHLIAKPAPAATFPLSSPTPRTS SSGFRPRRVTVQRVSCASPRGGERSEQDAQKHDRCD
 VLLGLGALGASATATLMTARRAGADPVATPDISSCGPADLPPSANVLTCCPPPSNALPVDFS
 LPDATSLPLRTRPAAHSVTADYVAKFNAGIAAMKALPADDPRSFAAQASVHCAYCDGSYSPE
 GFPVLDLQVHNSWLFPPFHRCYLYFFERILGSLIGDPSFAVPPFWNWDAPDGMAMPAMYADPS
 SQLFDPRRDGRHAPPKLINLDYNGREPRFFTDKQQVDHNLVRMYRQVTCGYILLMAKLMFD
 DQMVLSLPTPSLFFGSAYRAGDEPNQGGPVENIPHGPVHIWCGDPNQPDGEDMGNFYASAGF
 DPLFYAHHANIDRMWSVWKGLDARRHTDLTDPDWLDASFLLYDETPKLVIRVRDVLDTDRL
 RYRYQDVPLPWTAAARPTVTVTAAARRADSLAPAAQAAAAAKKAGEFPITLDEVTTVTVKRP
 VAVQRSKAEKASKEEVLVIDGIEVDKDVAAKFDVFNTEHDHGA VSGGRELAGSFVNVPHGH
 GHGHGHGRGKKGRGIKTKLRALNEQLEDLKAEGDES VVVTLVPRQGGKGVKVGKIELMH
 *

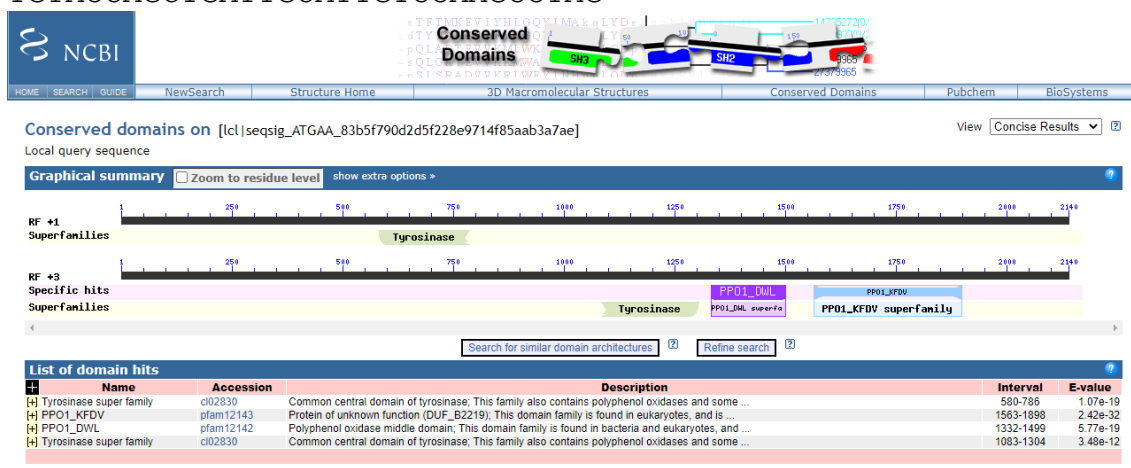


ShPPO22-QPEU01144786.1-Saccharum hybridum variedadde SP80-3280

>QPEU01144786.1 variedadde SP80-3280 [DNA]

ATGAACGGCCCCATGGCGAGCGTCTGCGCCACCTCCAGGCCCTCGTCTCGGCGCCCTCTGC
 ATGCCCGTCCAAGAAGACCATCGCCGGCGCCAGGTTCGGGCGCCGCACGGTGTCTGTCAGGG
 CCACCGGCGGGCGGGCGCCGGGGCGACAATGACGGCCTCCTCTGGCTGCCCGGGCGTGACGTG
 ATGCTCAACGGCCTGTCCGGTGTCCGCCCGGGCTCGCCTGGTACCCGGGCCTCGCGGATGC
 TGCCGAGTGCACCCGGGCGACAAGGTGAACGAGAACACCGTGCAGTGCACGGACACCGAAG
 GGGTGTGTCGGTGCCTCTGGTGTCCGGCGACGGCCCCCGTGGTGGACTTCACGCCGGAGGCG
 AAGGTGACGCGCGTCCGGCAGCCGGTGCATCTCCTGAGCCGGGAAAACCAGGAGAAGTACAA
 GGAGGCCGTGAGAAGATGAAGGCGTGCCGGAGTGAACCCGCTGAGCTTCGCGGCGCAGG
 CGGCCATCCACCAGGCCTACTGCGACAGCTACTACAGCTACCACCGGTCTCCGGCTCGGCG
 GCGGCGAAGGACGACCCGGCGTTCGACGTGCACTTCTCGTGGATCTTCGCGCCGTGGCATCG
 CATGTACATCTACTTCTACGAGCGCGCCCTCGGGCAGCTCATCGGCGACGACACCTTCGCGC
 TGCCGTCTTGAACTGGGACGCCCCCGCCGGCATGGTGGTGGCGCCTCTCTCAGCGAGGGC
 TCCACGGCCAACAACCCGCTGTACGACGCCAACCAGGAAACCAGGCGAACCCTCGACGCGCTGAT
 CGACCTAGACTACCTCAACGACCAGGATGCGGAGCCCATCCCTTTCAAGGGCCCAAAGGACG
 AAAAATAACAAGAACTTGTTAACAAGAACCCTGAGCACCGTATAACAACCAGGTGTGTACATGT
 ACACAGACATAACATACGTACTCCGGCGCGTACAGTATGCTGTATGTGAGCTAACCCACATTC

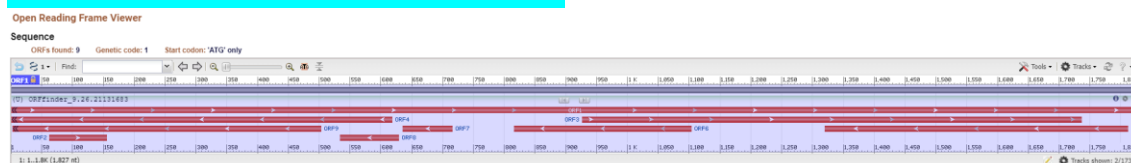
GCTTCATTTTGGACAGCAAGTAGGTAAGGGCGCGGAGTCGTTCTGGGCGAGAAGTACTGCAC
 CGACCTCGGGTCAAGCACGAGCAGCGCGGGTTTCGCTGGAGCAGATGGCGCACACCCGCCGTGC
 ACGTCTGGGTTCGGCAAGGCGGGGCGACGCCTGCGACGGCGACTTGCGGCGAAGCTTCCGGC
 GGCGTCCCGAACCCTCCTCAGGCGGGTACAACGCAACAACGACATGGGGTTCTGGGGTC
 GGCGGGGAACGACCCGCTCTTCTACTCGCACCCTCCAACGTGGACCGCATGTGGCACCTCT
 GGTCCACCAGGCTCGGTGGCGGGCAGGGCATCACAGACACGGACTGGCTCGACGCCAGCTTC
 GTCTTCTACGACGACGTCGAGAGCCCGCGGAAGGTCCGCATCAGGTTCCGCGACGTCTGGA
 CACGCGCGACCTCGGCTACACGTACGACGCCGAGGCGACAAGGACCTGCCGTGGCTGCGCC
 CCAAGATCACGTCGCTGGTGTCCACGGCACGGACAGCGGGCGGGCGGGCGAGGTCGTCGGCT
 GCGGGCGCCGGTGTTCGCGCTCGCCCTGACCAGGGGCGAGTCTGTGGAGGTGCCGGCCGTAGC
 TGTGCCGGCCAGGGAGGCGGGGAAGGAGCAGCTGCTGGTGATCGACGGCATCGAGTTCGACC
 CCCAGGCGAACAACAAGTTCGACGTGGCCATCAACGTGCCCGCGGACAAGGCGTTGCAGGTG
 GGGCCGAGTACAAGGAGTACGCCGGGAGCTTCGCCGTCGTGCCGGGCTCCGGCGCCGGCGG
 GACGCGGAAGGGGAAAGTCTCCCTCTGCATCACCGACGTGCTGTACGACCTCGACGCTGAGG
 ACGATAGCAGCGTCGACGTCGTTATCGTGCCGCGCACAGCTGCCAAGGTGACGCTCAACGTT
 CGCCTCACCATCAAGAATCGAACTAGTAGCTACTGCTGGCTGCTGCTGCTAGCGCTCAAGC
 ACCGCCGTACCTATGTACTCGATTCTGTGGTCATTCATGGACCATCGTTCATGCTAAACTG
 AGACAGATTGGGACACTATGCCGTTGCCGTTAGGGTGTCCGCAAGAATAAACGTATTTATTG
 TGTACCAGCTGATTGCATTGTCCAAGCCTAG



>QPEU01144786.1 variedade SP80-3280 [CDS]

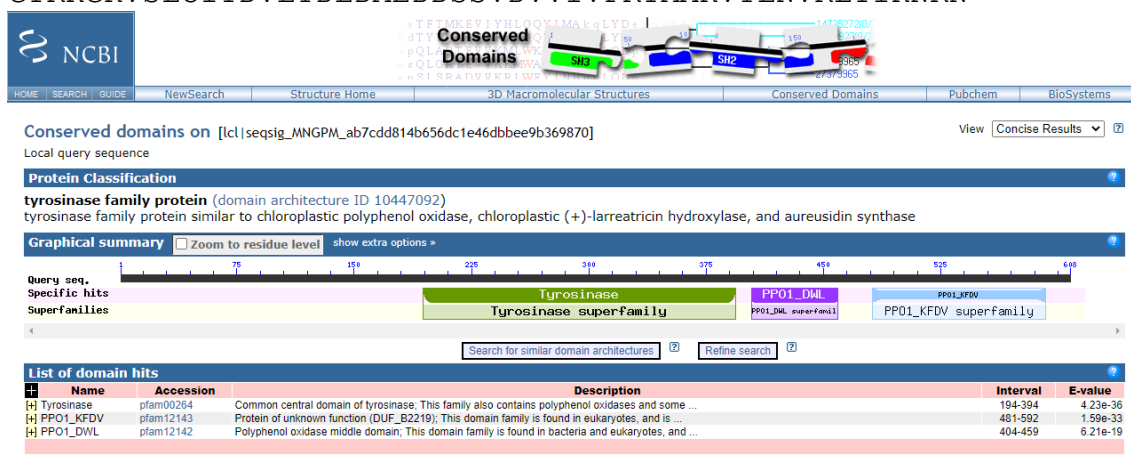
ATGAACGGCCCCATGGCGAGCGTCTGCGCCACCTCCAGGCCCTCGTCTCGGCGCCCTCTGC
 ATGCCCGTCCAAGAAGACCATCGCCGGCGCCAGGTTCCGGCGCCGCACGGTGTCTGTCAGGG
 CCACCGGCGGGCGGGCGGGGCGACAATGACGGCCTCCTCTGGCTGCCCGGGCGTGACGTCG
 ATGCTCAACGGCCTGTCCGGTGTGCGCCGCGGGCTCGCCTGGTACCCGGGCTCGCGGATGC
 TGCCGAGTGCACCCGGGCGACAAGGTGAACGAGAACACCGTGCAGTGCACGGACACCGAAG
 GGGTGTGCGCTGCCCTCTGGTGTGCGCGACGGCCCCGTGGTGGACTTCACGCCGAGGGCG
 AAGGTGACGCGCTCCGGCAGCCGGTGCATCTCCTGAGCCGGGAAAACCAGGAGAAGTACAA
 GGAGGCCGTCGAGAAGATGAAGGCGCTGCCGGAGTCAACCCGCTGAGCTTCGCGGCGCAGG
 CGGCCATCCACCAGGCCTACTGCGACAGCTACTACAGCTACCACCGGTCTCCGGCTCGGCG
 GCGGCGAAGGACGACCCGGCGTTCGACGTGCACTTCTCGTGGATCTTCGCGCCGTGGCATCG
 CATGTACATCTACTTCTACGAGCGCGCCCTCGGGCAGCTCATCGGCGACGACACCTTCGCGC
 TGCCGTTCTGGAAGTGGGACGCCCCGCGGCATGGTGGTGCCGCTCTCTTACGCGAGGGC
 FCCACGGCCAACAACCCGCTGTACGACGCCAACCAGGAAACCAGGCGAACCTCGACGCGCTGAT
 CGACCTAGACTACCTCAACGACCAGGATGCGGAGCCCATCCCTTCAAGGGCCCAAAGGACG
 AAAAATAACAAGAACTTGTTAACAAGAACCTGAGCACCGTATAACAACAGGTGTGTACATGT
 ACACAGACATACATACGTACTCCGGCGCGTACAGTATGCTGTATGATGGCGCACACCCGCGT
 GCACGTCTGGGTTCGGCAAGGCGGGGCGACGCCTGCGACGGCGACTTGCGGCGAAGCTTCCG

GCGGCGTCCC GAACCACTCCTCAGGCGGGTACAAC TGAACAACGACATGGGGTTCCTGGGG
 TCGGCGGGGAACGACCCGCTCTTCTACTCGCACC ACTCCAACGTGGACCGCATGTGGCACCT
 CTGGTCCACCAGGCTCGGTGGCGGGCAGGGCATCACAGACACGGACTGGCTCGACGCCAGCT
 TCGTCTTCTACGACGACGTGAGAGCCCGCGGAAGGTCCGCATCAGGTTCCGCGACGTCCTG
 GACACGCGCGACCTCGGCTACACGTACGACGCCGAGGCCGACAAGGACCTGCCGTGGCTGCG
 CCCC AAGATCACGTGCTGGTGTCCACGGCACGGACAGCGGCGCGGCGGCGAGGTCGTCGG
 CTGCGGGCGCCGGTGTTCGCGCTCGCCCTGACCAGGGGCCAGGTCGTGGAGGTGCCGGCCGTA
 GCTGTGCCGGCCAGGGAGGCGGGGAAGGAGCAGCTGCTGGTGATCGACGGCATCGAGTTCGA
 CCCC CAGGCGAACAACAAGTTCGACGTGGCCATCAACGTGCCCGCGGACAAGGCGTTGCAGG
 TGGGGCCG CAGTACAAGGAGTACGCCGGGAGCTTCGCCGTCGTGCCGGGCTCCGGCGCCGGC
 GGGACGCGGAAGGGGAAAGTCTCCCTCTGCATCACCGACGTGCTGTACGACCTCGACGCTGA
 GGACGATAGCAGCGTCGACGTCGTTATCGTGCCGCGCACAGCTGCCAAGGTGACGCTCAACG
 TTGCCTCACCATCAAGAATCGAAACTAG



>QPEU01144786.1_Fujian variedade SP80-3280 [AA]

MNGPMASVCATSRPLVSAPSACPSKKT IAGARFRRTVSCRATGGGGRGDNDGLLWLPDRDV
 MLNGLSGVAAGLAWYPGLADAAECTRADKVNENTVQCTDTEGVLPCPLVSATAPVVDFTPEA
 KVTRVRQPVHLLSRENQEKYKEAVEKMKALPESNPLSFAAQAAIHQAYCDSYYSYHRSSGSA
 AAKDDPAFDVHFSWIFAPWHRMYIYFYERALGQLIGDDTFALPFWNWDAPAGMVVPLFSEG
 STANNPLYDANRNPANLDALIDL DYLNDQDAEPIPFKGP KDEKYKLVNKNLSTVYNQVCTC
 TQTYIRT PARTVCCMMAHTAVHVWVGKAGTPATATCGEASGGV PNHSSGGYNCNNDMGFLG
 SAGNDPLFYSHSNVDRMWHLWSTR LGGGQGITD TDWLDASFV FYDDVESPRKVRIRFRDVL
 DTRDLGYTYDAEADKDL PWRPKITSLVSHGTD SGAARSSAAAPVFP LALTRGQVVEVPAV
 AVPAREAGKEQLLVIDGIEFDPQANNKFDVA INVPADKALQVGPQYKEYAGSFAVVP GSGAG
 GTRKGVSLCITDVL YDLDAEDDSSVDVV IVPRTAAKVTLNVR LTIKRN*



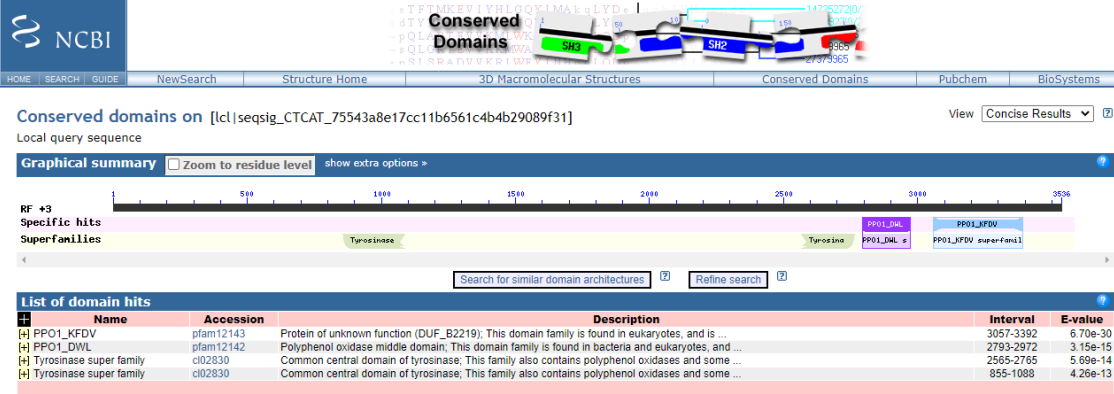
ShPPO23-QPEU01256817.1-Saccharum hybridum variedade SP80-3280

>QPEU01256817.1 variedade SP80-3280 [DNA]

CTCATTGACCAATTTTGTCTAAAACCACTATAGAGGCGGCTTGTGATTGAGCCACCCTGTT
 ACTAGTGTTTACTAACACTTTCTTAAATACAAAAATGGACTATGTACCAAATGTATATCTTG
 ATGAGTTGTATAATCTTGTATTCAAAGTTTTTTCATTTGAGGTCATTTAGTGTCTCATTTA
 ATCAAGTCTGTTCAAACCACTATAGGGACGGCTGGTAATTGAGCCGCCCTACAGTGATCC

ACTATAAAGGCAGTTGGTGATCCAGCCGCTCTTACTGTGACCCCTGTAGGGGCGGCTGACT
TCTCGAGCCACTGTAAGGGCAGCTCCAAAGCCAGCCGCCCTACAGTGGAGAGGGGGAGGGC
GTTCTATTAGTGCTTTTTTTCACGCAGTGGGCAGCGGCCGGGGCAACAATGACGGCCTCC
TCTGGCTGCCCGGCGTGACGTGATGCTCAACGGCCTGTCCGATGTCGCCGCCGGGCTCGCTT
GGTACCCGGGCTTCGCGTCCGGCGCCCTGGTTTCGCAGTGCTCGGAGGGTGC GGACAAGTTG
AACGACGAGATGTTGCTGTGCACGAACGACCCGAACGAGCAGACGCCCTGCCCTCTGGTGTT
GGAGACGGCCCCAATCAACGACTTTATTAAACCGGTGACGCTTGTCCGGCAGCCGGTGCATC
TCCTGGACCATGACCACCAGGAGAAGTACAGGAAGGCCGTCTGGGAGATGAAGAAGCTGCCG
GAGTCGAACCCGCTGAGCTTCAAGGCGCAGGCAGCCATCCACCAGGCCATGTGACAGCTAC
TACAAGTACCACAAGTCGTCCGGCTCGGAGACGAAGGAGAAGGACCCGACGTTGACAGTGCA
CTTCTCGTGGATCTTCGCGCCGTGGCACC GCATGTACATCTACTTCTACGAGCGCGCCCTCG
GCGGCCTCATCGGCGACGACACCTTCGCGCTGCCGCACTGGAGCTGGGACACGCCGGCCGGC
ATGGTGATGCCGCCTCTCTTCAGGGACACCAGCAACTGGAAGAACCAGACGGCGAGAAGGT
GGACAACCCGCTGTACGATCCCTACCGGAACCAGGATAACCTCGACAAGCTGATCGCCCTAA
ACTACCACAACAAGAAGGATAAGGAGACGACCATGCTTTTCAAGGGCCAGAGGACGGAGAA
GAATACAACAACACTTGTTAACAAGAACCTGTGCACCGTATACAAACAGCAGGCAAGTTTAA
TCAATTATTATTTTTCTCGAACACGACTTCACGTGTCTTTCCATTAAGAAGAAGGAGGCCGA
AAGCACGGCGAATACAAAACGGAATACAAAACCATAGAGAGAGTGGTTAACACCCCAAACA
CAACAACACAACAACAACACTAAGAAAAGAGAGATAGGGCCCTCCACCACGAGCCTAACAA
CACAACCTGCAGGGCAAGTTACAACAACGTAAAGGATCTAACTCGGGAGATGTAGCCGCGGC
GGTAGGAATCCACCGAGAGAGACGACTAAGGCAGCCGTCAAGGCCACGTTGGCAAAGCATCC
GCGAGGGGGCATCACACGCTCGGCAGCAACTGCCCGAGGCGGAGCCAAGCGCGACGTCGGTG
ACCAAGGACGACCAAGCAACGACGACGGCGAACAACCTTCGGCAACACCAACATCCGAGAGGA
CCTATGAGAAGCCACGCGGCAAAGCATCCAAGAGGGGGCATCACACGCTCGACAGCAACTG
CCCAGGTTGGAGCCAAGCACGACACCGGTGGCCGAGGACGGCCAAGCAACAACGACGGCGAA
CAACTACGGCAACACCAGCCTCCGAGAGGACCAAAGCGAGGGTGGGGACTGGCTCAGCGGGC
GAGGAGGGTGCATCAACCGTAGACTTCAGGAAGGGGATGACGCCCGCGAACACCAACCACGT
TGAGACGGTCACCCGAAGCAACTTTCATTCCGAAGCTTGCCCCAGCAGCTGCCGCCGACGGG
ATGAGCAGTGACGATGCCTCCAAGAAGGTGATGACGCAGACGCGCCACCGTCGTCGGCCAGG
ACACGAAGCCTGCCAGGGTTTTACCCTAACCCGTCGTCGGCAACAGCCGCTGCCGCGCGGT
CTCCGCAGGCAACGCACGCGGTGCGGGATGGCCTGGCTGCCGGCGTGCCAGCCCCAACCCG
TCGCAGACGGACACCCACCCACGGGCACTGGCAGCCGTCTCCGTGCCAGTGACAGATCCCA
CCGCCGGCCGGCCGGCCACCAGGCCACGCCGGGAACCTAGGCGCGCTGTGCTCGAAGGGCC
AGGGACGAGCAGGAGGAGGCAAGGGTGCCGGCTTGCCCAGCGCGCTCCGGCGGGCCGCGCG
GCTCGAGAACC GTGGCCGGGAGCACCCGGGGAACACCGGCGCGAATTCGTTTCCATACGTAA
CCAGTACGTACGTGCATGATATTTTTTAAATGAAGAAATTAATTAATAAATGCCATATATAT
ACGATCGACTACTAGCAAGTAGACGTGGTGGGGTTCTTGGGCGAGAAGTACTGCACCGCCAT
CGAGGGCAACATGAGCAGCCAGGGTACGCTGGAGCAGATGGCGCACACCGCCGTTACGCTCT
GGGTCCGGCAAGGCGGCTTGCACGCGGACTCCGGCGGCGTGCTGAGCCACAAGGACGGCAAG
TACAACCTGCTTCAACGACATGGGGTTCTTGGGGTCGGCGGCGAACGACCCGCTCTTCTACTC
GCACCACTCCAACGTGGACCGCATGTGGCACCTCTGGTCCACCAGGCTCGGCGGCGGGCAGG
GCATCACGGACCCGGACTGGCTCGACACCAGCTTCGTCTTCTACGACGTCGGCAAGGATGTC
AAGAGCCC GCCGCGGAAGGTCCGCATCAAGATCCGAGACGTCCTGGACACGCGGACCATGG
CTACACGTACGCCCGCTGTCCGACAAGGACCTGCCGTGGCTGAAACCCAAAAGGACGACGC
TGGTGCCCCCCCAGAATACGGACAGCTCGGCGACGGTGCCGTTGAAAAGAAGAGTTTACTA
TTCCGGCCGACCAAGGAGTTCCCGCTCACCTTGGTCCAGAACCAGGTGGTGGAGGTGCCGGA
CGTGGCTGTGCCGGCCAAGGAGGCGGGGAAGGAGCAGCTGCTGGTGATCGACGGCATCGAGT
TCGACCCGCAGGCGAACAACAAGTTGACGTCGCCATCAACGTGCCAAGGACAAAGCGCTG
CTGGTGGGGCCGACGTTCAAGGAGTACGCCGGGAGCTTCGCCGTCGTGCCGGGCTCCGGCGC
CGGCCTGACGCGGAAGGGGAAGGTCTCCCTCTGCATCACCGACGTGCTGGCTGACATCAAGG
CTGGCGGCGGTAACACCGTCGACGTCGTTATCGTGCCGCGCACCGAAGCAAAGGCGACGCTC

ACCGTTCGCCCCACCATCCAGAATCGCGAGTAGGAGTAGCTAATAAGCTAGTAGCTACTGAC
 CTTACACTTCCCTTCCGAGAAACAACCTTTAATTAAATATATATTAATTAAATATATATATTA
 A



Conserved domains on [lcl|seqsig_CTCAT_75543a8e17cc11b6561c4b4b29089f31]

Local query sequence

Graphical summary Zoom to residue level show extra options +

RF +3

Specific hits

Superfamilies

Tyrosinase PPO1_KFDV PPO1_DWL PPO1_KFDV superfamily

Search for similar domain architectures Refine search

| # | Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|-----|-------------------------|-----------|---|-----------|----------|
| [4] | PPO1_KFDV | pfam12143 | Protein of unknown function (DUF_B2219); This domain family is found in eukaryotes, and is ... | 3057-3392 | 6.70e-30 |
| [4] | PPO1_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain; This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 2793-2972 | 3.15e-15 |
| [4] | Tyrosinase super family | cl02830 | Common central domain of tyrosinase; This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 2565-2765 | 5.69e-14 |
| [4] | Tyrosinase super family | cl02830 | Common central domain of tyrosinase; This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 855-1088 | 4.26e-13 |

>QPEU01256817.1 variedade SP80-3280 [CDS]

ATGTCGCCCGGGCTCGCTTGGTACCCGGGCTTCGCGTCCGGCGCCCTGGTTTCGCAGTGC
 TCGGAGGGTTCGGACAAGTATGTACATCTACTTCTACGAGCGCGCCCTCGGCGGCCTCATCG
 GCGACGACACCTTCGCGCTGCCGCACTGGAGCTGGGACACGCCGGCCGGCATGGTGATGCCG
 CCTCTCTTCAGGGACACCAGCAACTGGAAGAACCAGACGGCGAGAAGGTGGACAACCCGCT
 GTACGATCCCTACCGGAACCAGGATAACCTCGACAAGCTGATCGCCCTAAACTACCACAACA
 AGAAGGATAAGGAGACGACCATGCTTTTCAAGGGCCCAGAGGACGGAGAAGAATACAACAAA
 CTTGTTAAACAAGAACCCTGTGCACCGTATACAAACAGCAGGCAAGTTTAAATCAATTATTATT
 TTTCTCGAACACGACTTCACGTGTCTTTCCATTAAGAAGAAGGAGGCCGAAAGCACGGCGAA
 TACAAAACGGAATACAAAACCATAGAGAGAGTGGTATGAGCAGCCAGGGTACGCTGGAGCAG
 ATGGCGCACACCCGCGTTCACGTCTGGGTTCGGCAAGGCGGCTTTCGACGCCGACTCCGGCGG
 CGTGCTGAGCCACAAGGACGGCAAGTACAACCTGCTTCAACGACATGGGGTTCCTGGGGTCGG
 CGGCGAACGACCCGCTCTTCTACTCGCACCACTCCAACGTGGACCGCATGTGGCACCTCTGG
 TCCACCAGGCTCGGCGCGGGCAGGGCATCACGGACCCGGACTGGCTCGACACCAGCTTCGT
 CTTCTACGACGTTCGGCAAGGATGTCAAGAGCCCAGCGCGGAAGGTCCGCATCAAGATCCGAG
 ACGTCCCTGGACACGCGCGACCATGGCTACACGTACGCCCGCGTGTCCGACAAGGACCTGCCG
 TGGCTGAAACCCAAAAGGACGACGCTGGTGCCCCCAGAATACGGACAGCTCGGCGACGGT
 GCCGTTGAAAAGAAGAGTTTACTATTCCGGCCGACCAAGGAGTTCCCGCTCACCTTGGTCC
 AGAACCAGGTGGTGGAGGTGCCGGACGTGGCTGTGCCGGCAAGGAGGCGGGGAAGGAGCAG
 CTGCTGGTGATCGACGGCATCGAGTTCGACCCGCGAGGCGAACAACAAGTTCGACGTCGCCAT
 CAACGTGCCCAAGGACAAAGCGCTGCTGGTGGGGCCGAGTTCAAGGAGTACGCCGGGAGCT
 TCGCCGTCGTGCCGGGCTCCGGCGCCGGCTGACGCGGAAGGGGAAGGTCTCCCTCTGCATC
 ACCGACGTGCTGGCTGACATCAAGGCTGGCGGCGGTAACACCGTTCGACGTCGTTATCGTGCC
 GCGCACCGAAGCAAAGGCGACGCTCACCGTTCGCCCCACCATCCAGAATCGCGAGTAG

ORFfinder submitting page

Open Reading Frame Viewer

Sequence

ORFs found: 8 Genetic code: 1 Start codon: ATG only

Sequence, Loading...

ORFfinder_P_26:23015432

ORF1 ORF2 ORF3 ORF4 ORF5 ORF6 ORF7 ORF8

1:1.1kb (1,422 nt)

Tracks shown: 2/3

>QPEU01256817.1_Fujian variedade SP80-3280 [AA]

MSPPGSLGTRASRPAPWFRSARRVRTSMYIYFYERALGGLIGDDTFALPHWSWDTPAGMVMP
 PLFRDTSNWNKPDGEKVDNPLYDPYRNQDNLDKLIALNYHNKKDKETTMLFKGPEDGEEYNK
 LVNKNLCTVYKQOASLIQLLFFSNTTSRVFPLRRRRPKARRIQNGIQNHRESGMS SQGTLEQ
 MAHTAVHVWVGKAACDADSGGVLSHKDGKYNCFNDMGFLGSAANDPLFYSHHSNVDRMWHLW

STRLLGGGQGITDPDWLDTSFVFDVVGKDVKSPPRKVRIKIRDVLDTRDHGYTYAAVSDKDLF
 WLKPKRRTTLVPPQNTDSSATVPLKKSLLFRPTKEFPLTLVQNQVVEVPDVAVPAKEAGKEQ
 LLVIDGIEFDPQANNKFDVAINVPKDKALLVGPQFKEYAGSFAVVPGSGAGLTRKGVSLCI
 TDVLADIKAGGGNTVDVVIVRTEAKATLTVRPTIQNRE*

NCBI

Conserved Domains

Conserved domains on [lcl|ORF1]

Local query sequence

Protein Classification

PP01_DWL and PP01_KFDV domain-containing protein (domain architecture ID 10255150)
 protein containing domains Tyrosinase, PP01_DWL, and PP01_KFDV

Graphical summary

Query seq. Specific hits Superfamilies

Tyrosinase PP01_DWL superFamily PP01_KFDV superFamily

List of domain hits

| # | Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|-----|-------------------------|-----------|---|----------|----------|
| [H] | PP01_KFDV | pfam12143 | Protein of unknown function (DUF_B2219); This domain family is found in eukaryotes, and is ... | 346-457 | 2.75e-32 |
| [H] | Tyrosinase super family | cl02830 | Common central domain of tyrosinase; This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 16-248 | 1.79e-22 |
| [H] | PP01_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain; This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 258-317 | 2.52e-15 |

ShPPO24-QPEU01304183.1-Saccharum hybridum variedade SP80-3280

>QPEU01304183.1 variedade SP80-3280 [DNA]

ATGGCCTCCATGTCGCATTTAATTGCTAAGCCAGCTCCAGCTGCCACCTTTCCTCTATCCTC
 TCCGACTCCGAGAACGAGCTCCGGCTTTAGGCCTCGCCGCGTCACCGTCCAGCGCGTCTCGT
 GCGCATCGCCAGAGGCGGTGAACGCTCCGAGCAAGACGCCAAAAGCACGACCGCCGCGAC
 GTCCTCCTGGGCCTCGGCGCTCTCGGTGCCAGTGCCACCGCCACCCTGATGACCGCGCGCCG
 CGCCGGCGCCGACCCCGTCCGCCACGCCTGACATCTCTTCTGCGGCCCGGCGGACCTTCCGC
 CGAGCGCAACGTGCTGACGTGCTGCCACCGCCCTCGAACGCGCTGCCAGTGGACTTCGCC
 CTCCCGACGCCACGTCCCTGCCGCTCCGGACGCGCCCGCGCGCACTCGGTACCGCGGA
 CTACGTCGCCAAGTTCAACGCCGGGATCGCCGCGATGAAGGCGCTCCCGGCGGACGATCCGC
 GTAGCTTCGCGGCGCAGGCGAGCGTGCACTGCGCCTACTGCGACGGGTGCTACAGCCCCGAG
 GGGTTCGCCGGCGTGGAGCTCCAGGTGCACAACTCGTGGCTGTTTTTCCCCTTCCACCGGTG
 CTACCTTACTTCTTCGAGCGCATCCTGGGCAGCCTGATCGGCGACCCAGCTTCGCCGTAC
 CGTTCTGGAACCTGGGACGCGCCGGACGGGATGCGCATGCCGGCCATGTACGCGGATCCGTG
 TCCAGCTGTTTCGATCCGCGGCGTGACGGCCGGCACGCGCCGCCGAAGCTCATCAATCTCGA
 CTACAACGGGAGGGAGCCGAGGTTCTTCACTGACAAACAGCAGGTTGATCACAACCTCAGGG
 TCATGTACCGTCAGGTAACGTGTGGTTATATTGTTGTTATGAACTGATGACAAAAGAATAGA
 AGAGATGGCCTCGGAATCTTGTCAAACCTGATCAAACCTTTTGTGACGTGCATGGCCAAATT
 GATGTTTCGATGATCAGATGGTATCGCTGAGCCCGACGCCGTCGCTCTTTTTTCGCGAGCGCGT
 ACCGCGCAGGCGACTAGCCGAACCAGGGGCCAGGGCCGGTGGAGAACATCCCGCACGGGCCG
 GTGCACATCTGGTGCGGCGACCCGAACCAACCAGACGGCGAGGACATGGGCAACTTCTACTC
 GGCCGGGTTTCGACCCGCTCTTCTACGCGCACCACGCCAACATCGACCGCATGTGGTCCGTCT
 GGAAGGGGCTCGACGCCCGGCGCCACACGGACCTCACCGACCCGGACTGGCTCGACGCCTCC
 TTCCTCTTGTACGACGAGACCCCAAGCTCGTGCGCATCCGCGTGCGCGACGTGCTCGACAC
 CGACAGGCTGCGGTACCGGTACCAGGACGTGCCCTGCCGTGGACGGCCGCCAGGCCAACCG
 TGACCGTGACCGCCGCGGCGGAGAGCAGACTCGTTGCTCGCGCCCGGGCGCAGGCCGCC
 GCCGCCGCAAGAAGGCGGGCGAGTTCCCATCACGCTGGACGAGGTGACGACCGTGACGGT
 GAAGAGGCCGGTTCGCGGTACAGAGGAGCAAGGCGGAGAAGGCGTCCAAAGAGGAGGTGCTCG
 TCATCGACGGCATCGAGGTGGACAAGGACGTGGCCGCCAAGTTCGACGTGTTTCGTGAACACC
 GAGGACCACGGCGCGGTGGGATCGGGCGGGCGGGAGCTCGCGGGGAGCTTTCGTGAACGTGCC
 GCACGGGCACGGGCATGGCCACGGGCACGGGCGCGGCAAGAAGGGGAGAGGGATCAAACCA

AGCTGCGGCTCGCGTTGAACGAGCAGCTCGAGGACCTCAAGGCCAAGGCCGACGAGAGCGTG
 GTGGTGACCCCTCGTGCCGCGGCAAGGCAAGGGTAAGGTGAAGGTCGGAGGCGTCAAGATTGA
 GCTGATGCATTGA

Conserved domains on [lcl|seqsig_ATGTC_483c476186354f9ff1ee9508ba71ef3d]

Local query sequence

Graphical summary Zoom to residue level show extra options >

RF #1

Specific hits

Superfamilies

Tyrosinase
 Tyrosinase superfamily

PP01_DWL
 PP01_DWL superfamily

PP01_KFDV
 PP01_KFDV superfamily

List of domain hits

| # | Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|-----|------------|-----------|---|-----------|----------|
| [H] | PP01_KFDV | pfam12143 | Protein of unknown function (DUF_B2219); This domain family is found in eukaryotes, and is ... | 1504-1872 | 6.20e-38 |
| [H] | Tyrosinase | pfam00264 | Common central domain of tyrosinase; This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 484-1233 | 1.39e-31 |
| [H] | PP01_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain; This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 1261-1416 | 3.09e-25 |

>QPEU01304183.1 variedade SP80-3280 [CDS]

ATGGCCTCCATGTCGCATTTAATTGCTAAGCCAGCTCCAGCTGCCACCTTTCCTCTATCCTC
 TCCGACTCCGAGAACGAGCTCCGGCTTTAGGCCTCGCCGCGTCACCGTCCAGCGCGTCTCGT
 GCGCATCGCCAGAGGCGGTGAACGCTCCGAGCAAGACGCCAAAAGCACGACCGCCGCGAC
 GTCCTCCTGGGCTCGGCGCTCTCGGTGCCAGTGCCACCGCCACCCTGATGACCGCGCGCCG
 CGCCGGCGCCGACCCCGTCCGCCACGCCTGACATCTCTTCCCTGCGGCCCGGCGGACCTTCCGC
 CGAGCGCAACGTGCTGACGTGCTGCCACCGCCCTCGAACGCGCTGCCAGTGGACTTCGCC
 CTCCCCGACGCCACGTCCCTGCCGCTCCGGACGCGCCCCGCGCGCACTCGGTACCGCGGA
 CTACGTCGCCAAGTTCAACGCCGGGATCGCCGCGATGAAGGCGCTCCCGGCGGACGATCCGC
 GTAGCTTCGCGGCGCAGGCGAGCGTGCCTACTGCGGACTGCGCCTACTGCGACGGGTCGTACAGCCCCGAG
 GGGTCCCCGGCGTGGAGCTCCAGGTGCACAACTCGTGGCTGTTTTTCCCCTTCCACCGGTG
 CTACCTTACTTCTTCGAGCGCATCCTGGGCAGCCTGATCGGCGACCCAGCTTCGCCGTAC
 CGTTCGGAACGAGGACGCGCCGGACGGGATGCGCATGCCGGCCATGTACGCGGATCCGTG
 TCCAGCTGTTTCGATCCGCGGCGTGACGGCCGGCACGCGCCGCCGAAGCTCATCAATCTCGA
 CTACAACGGGAGGGAGCCGAGGTTCTTCACTGACAAACAGCAGGTTGATCACAACCTCAGGG
 TCATGTACCGTCAGGTAACGTGTGGTTATATTGTTGTTATGAACATGGGCAACTTCTACTCG
 GCCGGTTCGACCCGCTCTTCTACGCGCACCACGCCAACATCGACCCGATGTGGTCCGTCTG
 GAAGGGGCTCGACGCCCGGCGCCACACGGACCTCACCGACCCGGACTGGCTCGACGCCTCCT
 TCCTCTTGACGACGAGACCCCAAGCTCGTGCGCATCCGCGTGCGCGACGTGCTCGACACC
 GACAGGCTGCGGTACCGGTACCAGGACGTGCCCTGCCGTGGACGGCCGAGGCCAACCGT
 GACCGTGACCGCCGCGGCGCGGAGAGCAGACTCGTTGCTCGCGCCCGCGGCGCAGGCCGCCG
 CCGCCCAAGAAGGCGGGCGAGTTCCCATCACGCTGGACGAGGTGACGACCGTGACGGTG
 AAGAGGCCGGTCCGCGTACAGAGGAGCAAGGCGGAGAAGGCGTCAAAGAGGAGGTGCTCGT
 CATCGACGGCATCGAGGTGGACAAGGACGTGGCCGCCAAGTTCGACGTGTTTCGTGAACACCG
 AGGACCACGGCGCGGTGGGATCGGGCGGGCGGGAGCTCGCGGGGAGCTTCGTGAACGTGCCG
 CACGGGCACGGGCATGGCCACGGGCACGGCGCGCAAGAAGGGGAGAGGGATCAAACCAA
 GCTGCGGCTCGCGTTGAACGAGCAGCTCGAGGACCTCAAGGCCAAGGCGACGAGAGCGTGG
 TGGTGACCCTCGTGCCGCGGCAAGGCAAGGGTAAGGTGAAGGTCGGAGGCGTCAAGATTGAG
 CTGATGCATTGA

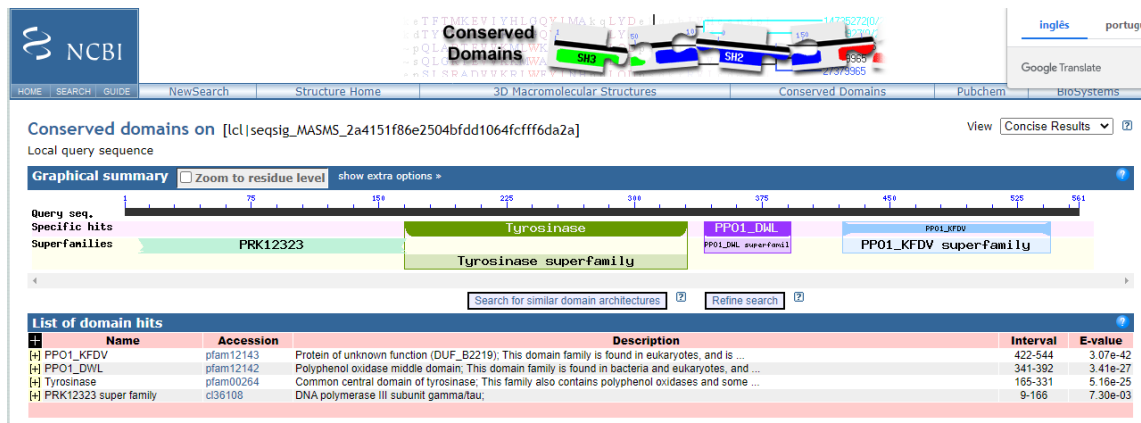
Open Reading Frame Viewer

Sequence

ORFfinder_3.27.030400

>QPEU01304183.1_Fujian variedade SP80-3280 [AA]

MASMSHLIAKPAPAATFPLSSPTPRTSSGFRPRRVTVQRVSCASPRGGERSEQDAQKHDRRD
 VLLGLGALGASATATLMTARRAGADPVATPDISSCGPADLPPSANVLTCCPPPSNALPVDF
 LPDATSLPLRTRPAAHSVTADYVAKFNAGIAAMKALPADDPRSFAAQASVHCAYCDGSYSPE
 GFFGVELQVHNSWLFPPFHRCYLYFFERILGSLIGDPSFAVFFWNWDAPDGMRMPAMYADPS
 SQLFDPRRDGRHAPPKLINLDYNGREPRFFTDKQQVDHNLRVMYRQVTCGYIVVMNMGNFYS
 AGFDPLFYAHHANIDRMWSVWKGLDARRHTDLTDPDWLDASFLLYDETPKLVIRVRDVLDT
 DRLRYRYQDVPLPWTAARPTVTVTAAARRADSLAPAAQAAAAAKKAGEFPITLDEVTTVTV
 KRPVAVQRSKAEKASKEEVLVIDGIEVDKDVAAKFDVVFVNTEDHGAVGSGGRELAGS FVNVP
 HGHGHGHGHRGKKGRIKTKLRLALNEQLEDLKAEGDES VVVTLVPRQKGKVKVGGVKIE
 LMH*

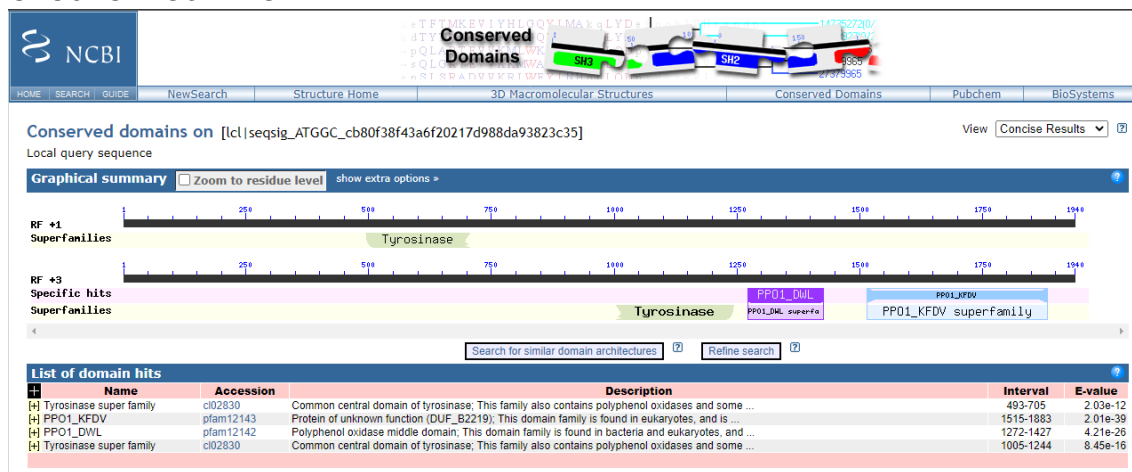


ShPPO25-QPEU01307315.1-Saccharum hybridum variedade SP80-3280

>QPEU01307315.1 variedade SP80-3280 [DNA]

ATGGCCTCCATGTCGCATTTAATTGCTAAGCCAGCTCCAGCTGCCACCTTTCCTCTATCCTC
 TCCGACTCCGAGAACGAGCTCCGGCTTTAGGCCTCGCCGCGTCACCGTCCAGCGCGTCTCGT
 GCGCATCGCCAGAGGCGGTGAACGCTCCGAGCAAGACGCCAAAAGCACGACCGCTGCGAC
 GTCCCTCCTGGGCTCGGCGCTCTCGGTGCCAGTGCCACCGCCACCCTGATGACCGCGCGCCG
 CGCCGGCGCCGACCCCGTCCGACCGCTGACATCTCTTCTGCGGCCCGGCGGACCTTCCGC
 CGAGCGCAACGTGCTGACGTGCTGCCACCGCCCTCGAACGCGCTGCCGGTGGACTTCGCC
 CTCCCGACGCCACGTCCCTGCCGCTCCGGACGCGCCCGCGCGCACTCGGTACCGCGGA
 CTACGTCGCCAAGTTCAACGCCGGGATCGCCGCGATGAAGGCGCTCCCGGCGGACGATCCGC
 GTAGCTTCGCGGCGCAGGCGAGCGTGCCTACTGCGACGGGTGCTACAGCCCGGAG
 GGGTTCCCGGCGTGGAGCTCCAGGTGCAAACTCGTGGCTGTTTTTCCCCTTCCACCGGTG
 CTACCTTACTTCTTCGAGCGCATCCTGGGCAGCTGATCGGCGACCCAGCTTCGCCGTAC
 CGTTCTGGAACGTTGGGACGCGCCGGACGGGATGCGCATGCCGGCCATGTACGCGGATCCGTG
 TCCAGCTGTTTCGATCCGCGGCGTGACGGCCGGCACGCGCCGCGCAAGCTCATCAATCTCGA
 CTACAACGGGAGGGAGCCGAGGTTCTTCACTGACAAACAGCAGGTTGATCACAACCTCAGGG
 TCATGTACCGTCAGGTAACGTGTGGTTATATATTGTTGTTATGAACTGATGACAAAAGAATA
 GAAGAGATGGCCTCGGAATCTTGTCAAACCTGATCAAACCTTTTGTGACGTGCATGGCCAAA
 TTGATGTTTCGATGATCAGATGGTATCGCTGAGCCCGACCCGTCGCTCTTTTTCGGCAGCGC
 GTACCGCGCAGGCGACGAGCCGAACCAGGGGCCAGGGCCGGTGGAGAACATCCCGCACGGCC
 CGGTGCACATCTGGTTCGGCGACCCGAACCAACCGGACGGCGAGGACATGGGCAACTTCTAC
 TCGGCCGGGTTTCGACCCGCTCTTCTACGCGCACCACGCCAACATCGACCGCATGTGGTCCGT
 CTGGAAGGGGCTCGACGCCCGGCGCCACACGGACCTCACCGACCCGGACTGGCTCGACGCT
 CCTTCTCTTGTACGACGAGACCCCAAGCTCGTGCGCATCCGCGTGCGGACGTGCTCGAC
 ACCGACAGGCTGCGGTACCGGTACCAGGACGTGCCCTGCCGTGGACGGCCCGCAGGCCAAC
 CGTGACCGTGACCGCCGCGCGGAGAGCGGACTCGTTGCTCGCGCCCGCGGCGCAGGCCG

CCGCCGCCGCAAGAAGGCGGGCGAGTTCCCCATCACGCTGGACGAGGTGACGACCGTGACG
 GTGAAGAGGCCGGTTCGCGGTACAGAGGAGCAAGGCGGAGAAGGCGTCCAAAGAGGAGGTGCT
 CGTCATCGACGGCATCGAGGTGGACAAGGACGTGGCCGCCAAGTTCGACGTGTTTCGTGAACA
 CCGAGGACCACGGCGCGGTAGGATCGGGCGGGCGGGAGCTCGCGGGGAGCTTCGTGAACGTG
 CCGCACGGGCACGGGCATGGCCACGGGCACGGGCAGGCAAGAAGGGGAGAGGGATCAAAAC
 CAAGCTGCGGCTCGCGTTGAACGAGCAGCTCGAGGACCTCAAGGCCGAAGGCGACGAGAGCG
 TGGTGGTGACCCTCGTGCCGCGGCAAGGCAAGGGTAAGGTGAAGGTCGGAGGCGTCAAGATT
 GAGCTGATGCATTGA

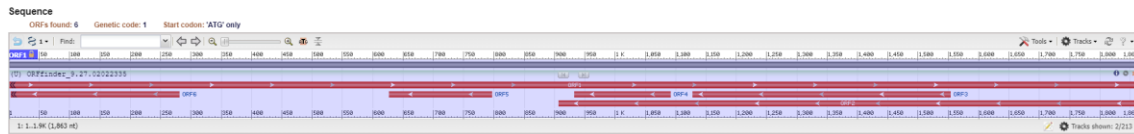


>QPEU01307315.1 variedade SP80-3280 [CDS]

ATGGCCTCCATGTCGCATTTAATTGCTAAGCCAGCTCCAGCTGCCACCTTTCCTCTATCCTC
 TCCGACTCCGAGAACGAGCTCCGGCTTTAGGCCTCGCCGCGTCACCGTCCAGCGCGTCTCGT
 GCGCATCGCCAGAGGCGGTGAACGCTCCGAGCAAGACGCCAAAAGCACGACCGCTGCGAC
 GTCCCTCCTGGGCTCGGCGCTCTCGGTGCCAGTGCCACCGCCACCCTGATGACCGCGCGCCG
 CGCCGGCGCCGACCCCGTCGCCACGCCTGACATCTCTTCCTGCGGCCCGGCGGACCTTCCGC
 CGAGCGCAACGTGCTGACGTGCTGCCACCGCCCTCGAACGCGCTGCCGGTGGACTTCGCC
 CTCCCGACGCCACGTCCCTGCCGCTCCGGACGCGCCCCGCCGCGCACTCGGTACCGCGGA
 CTACGTCGCCAAGTTCAACGCCGGGATCGCCGCGATGAAGGCGCTCCCGGCGGACGATCCGC
 GTAGCTTCGCGGCGCAGGCGAGCGTGCCTACTGCGACGGGTGTCACAGCCCCGAG
 GGGTTCCCGGCGTGGAGCTCCAGGTGCACAACTCGTGGCTGTTTTTCCCCTTCCACCGGTG
 CTACCTCTACTTCTTCGAGCGCATCCTGGGCAGCCTGATCGGCGACCCAGCTTCGCCGTAC
 CGTTCTGGAACCTGGGACGCGCCGGACGGGATGCGCATGCCGGCCATGTACGCGGATCCGTG
 TCCAGCTGTTTCGATCCGCGGCGTGACGGCCGGCACGCGCCGCCGAAGCTCATCAATCTCGA
 CTACAACGGGAGGGAGCCGAGGTTCTTCACTGACAAACAGCAGGTTGATCACAACCTCAGGG
 TCAATGTACCGTCAGGTAACGTGTGGTTATATATTGTTGTTAATGGCCAAATTGATGTTTCGAT
 GATCAGATGGTATCGCTGAGCCCAGCGCCGTCGCTCTTTTTTCGGCAGCGCGTACCGCGCAGG
 CGACGAGCCGAACCAGGGGCCAGGGCCGGTGGAGAACATCCCGCACGGCCCGGTGCACATCT
 GGTGCGGCGACCCGAACCAACCGGACGGCGAGGACATGGGCAACTTCTACTCGGCCGGGTTC
 GACCCGCTCTTCTACGCGCACCACGCCAACATCGACCGCATGTGGTCCGTCTGGAAGGGGCT
 CGACGCCCGGCGCCACACGGACCTCACCGACCCGACTGGCTCGACGCCTCCTTCTTGT
 ACGACGAGACCCCAAGCTCGTGCGCATCCGCGTGCGCGACGTGCTCGACACCGACAGGCTG
 CGGTACCGGTACCAGGACGTGCCCTGCCGTGGACGGCCGAGGCCAACCGTGACCGTGAC
 CGCCGCGGCGCGGAGAGCGGACTCGTTGCTCGCGCCCGGCGCGCAGGCCGCCGCCGCCCA
 AGAAGGCGGGCGAGTTCCCCATCACGCTGGACGAGGTGACGACCGTGACGGTGAAGAGGCCG
 GTCGCGGTACAGAGGAGCAAGGCGGAGAAGGCGTCCAAAGAGGAGGTGCTCGTCATCGACGG
 CATCGAGGTGGACAAGGACGTGGCCGCCAAGTTCGACGTGTTTCGTGAACACCGAGGACCAG

CGCGGTTAGGATCGGGCGGGCGGGAGCTCGCGGGGAGCTTCGTGAACGTGCCGCACGGGCAC
GGGCATGGCCACGGGCACGGGCGGGCAAGAAGGGGAGGGATCAAACCAAGCTGCGGCT
CGCGTTGAACGAGCAGCTCGAGGACCTCAAGGCCAAGGCGACGAGAGCGTGGTGGTGACCC
TCGTGCCGCGCAAGGCAAGGTAAGGTGAAGGTTCGGAGGCGTCAAGATTGAGCTGATGCAT
TGA

Open Reading Frame Viewer



>QPEU01307315.1_Fujian varietade SP80-3280 [AA]

MASMSHLIAKPAPAATFPLSSPTPRTS SGRPRRVTVQRVSCASPRGGERSEQDAQKHDRCD
VLLGLGALGASATATLMTARRAGADPVATPDISSCGPADLPPSANVLTCCPPPSNALPVDFA
LPDATSLPLRTRPAAHSVTADYVAKFNAGIAAMKALPADDPRSFAAQASVHCAYCDGSYSPE
GFPGVELQVHNSWLFPPFHRCYLYFFERILGSLIGDPSFAVPPFNWDAPDGMRMPAMYADPS
SQLFDPRRDGRHAPPKLINLDYNGREPRFFTDKQQVDHNLRVMYRQVTCGYILLMAKLMFD
DQMVLSLPTPSLFFGSAYRAGDEPNQGGPVENIPHGPHIWCADPNQPDGEDMGNFY SAGF
DPLFYAHHANIDRMWSVWKGLDARRHTDLTDPDWLDASFLLYDETPKLVIRVRDVLDTDR
RYRYQDVPLPWTAAARPTVTVTAAARRADSLAPAAQAAAAAKKAGEFPITLDEVTTVTVKRP
VAVQRSKAEKASKEEVLVIDGIEVDKDVAAKFDVFNTEHDGAVGSGGRELAGSFVNVPHGH
GHGHGHGRGKGRGIKTKLRALNEQLEDLKAEGDES VVVTLVPRQGGKGVKVGKVIELMH
★

Conserved domains on [tcl|seqsig_MASMS_44583876f84084b449b29130e9b183d8] View **Concise Results** [?]

Local query sequence

Protein Classification
tyrosinase family protein (domain architecture ID 10447092)
 tyrosinase family protein similar to chloroplatic polyphenol oxidase, chloroplatic (+)-larreatricin hydroxylase, and aureusidin synthase

Graphical summary Zoom to residue level [show extra options](#) +

Query seq.

Specific hits
 Tyrosinase
 Tyrosinase superfamily
 PP01_DWL superfamily
 PP01_KFDV superfamily

List of domain hits

| # | Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|-----|------------|-----------|---|----------|----------|
| [H] | PP01_KFDV | pfam12143 | Protein of unknown function (DUF_B2219); This domain family is found in eukaryotes, and is | 481-603 | 3.11e-42 |
| [H] | Tyrosinase | pfam00264 | Common central domain of tyrosinase; This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 165-390 | 4.56e-34 |
| [H] | PP01_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain; This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 400-451 | 2.93e-27 |

ShPPO26-QPEU01360808.1-Saccharum hybridum varietade SP80-3280

>QPEU01360808.1 varietade SP80-3280 [DNA]

AGACGAAGGACCTGCCGTTTCGACGTGCACTTCTCGTGGATCTTCGCGCCGTGGCACC GCATG
TACATCTACTTCTACGAGCGCGCCCTCGGGCAGCTCATCGGCGACGACACCTTCGCGCTGCC
CTACTGGAAGTGGGACGCCCCCGCCGGCATGGTGGTGCCGCCTCTCTTCAGCGAGGGCTCCA
CGGCCAGCAACCCGCTGTACGACCCCAACCGGAGCACGGATAACCTCGACAAGCTGATCGAT
CTAAACTACCTCAGCAACACGGGCAAGGAGCCATCCCTTCAAGGGCCCAAAGGACGATGA
AAAATAACAAGGAACCTTAAAACAACAACCTGTGCACCGTATACAAACAGCAGGCAAGTTTAA
TTCAATTATTATTTCGTTTTCCACACGTAATAAGTACGTACTACGTGCCATGATGGATTTGAA
TGAAGAAATTAATTAATAAATGCCATATATACGATCGACTACTAGCAAGTAGGTGCCAT
CAATAAGGACGCGGTGGGGTTCCTGGGCGAGAAGTACTGCACCGACATCAAGAACATGAGCA
GCCAGGGTACGCTGGAGCAGATGGCTCACACCGCCGTTACGTCTGGGTTCGGCAAGGCGGCT
TGCGACGCCGACTCCGGCGGCGTGTGAGCCACAAGGACGGCAAGTACAATTGCTTCAACGA

CATGGGGTTCTTGGGGTTCGGCGGCGAACGACCCGCTCTTCTACTCGCACCCTCCAACGTGG
 ACCGCATGTGGCACCTCTGGTCCACCAGGCTCGGGCGCGGGCAGGGCATCACGGACCCGGAC
 TGGCTCGACACCAGCTTCGTCTTCTACGACGTCGGCAAGGATGTCAAGAGCCCGCCGCGGAA
 GTCCGCATCAAGATCCGCGACGTCCTGGACACGCGCGACCTCGGCTACACGTACGCCGCCG
 TGTCCGACAAGGACCTGCCGTGGCTGCAACCCAAGAGGACGACGCTGGTGCCCCCCCAGAAT
 ACGGACAGCTCGGCAACGGTGCCGTTGATAAAGAAGAGTTTACTATTCCGGCCGACCATGGA
 GTTCCCGCTCACCTTGGTCCAGAACCAGGTGGTGGAGGTGCCGGACGTGGCTGTGCCGGCCA
 AGGAGGCGGGGAAGGAGCAGCTGCTGGTGTGACGCGCATCGAGTTCGATCCGCAGGCGAAC
 AACAAGTTCGACGTCGCCATCAACGTGCCCAAGGACAAGGCGCTGCTGGTGGGGCCCCAGTT
 CAAGGAGTACGCCGGGAGCTTCGCCGTCGTGCCGGGCTCCGGCGCCGGCCTGATGCGGAAGG
 GGAAGGTCTCCCTCTGCATCACCGACGTGCTGGCCGACATCAAGGCTGGCGGCGCGGTAACA
 CCGTCGACGTCGTTATCGTGCCGCGCACCGAAGCAAAGGTGACGCTCACCGTTCGCCCCACC
 ATCCAGAATCG

| # | Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|-----|------------|-----------|---|-----------|----------|
| [H] | Tyrosinase | pfam00264 | Common central domain of tyrosinase; This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 15-764 | 2.28e-36 |
| [H] | PPO1_KFDV | pfam12143 | Protein of unknown function (DUF_B2219); This domain family is found in eukaryotes, and is ... | 1056-1355 | 4.72e-26 |
| [H] | PPO1_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain; This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 792-971 | 7.24e-17 |

>QPEU01360808.1 variedade SP80-3280 [CDS]

ATGTACATCTACTTCTACGAGCGCCCTCGGGCAGCTCATCGGGCAGCAGACCTTCGCGCT
 GCCCTACTGGAAGTGGGACGCCCCCGCGGCATGGTGGTGCCGCCTCTCTTCAGCGAGGGCT
 CCACGGCCAGCAACCCGCTGTACGACCCCAACCGGAGCAGGATAACCTCGACAAGCTGATC
 GATCTAAACTACCTCAGCAACACGGGCAAGGAGCCCATCCCTTTCAAGGGCCCAAAGGACGA
 TGAAAAATACAAGGAACCTGAAAACAACAACCTGTGCACCGTATACAAACAGCAGGCAAGTT
 TAATTCAATTATTATTTCGTTTTCCACACGATGAGCAGCCAGGGTACGCTGGAGCAGATGGCT
 CACACCGCGTTCACGTCTGGTTCGGCAAGGCGGCTTTCGACGCCGACTCCGGCGGCGTGCT
 GAGCCACAAGGACGGCAAGTACAATTGCTTCAACGACATGGGGTTCCTGGGGTTCGGCGGCGA
 ACGACCCGCTCTTCTACTCGCACCCTCCAACGTGGACCGCATGTGGCACCTCTGGTCCACC
 AGGCTCGGCGGCGGGCAGGGCATCACGGACCCGGACTGGCTCGACACCAGCTTCGTCTTCTA
 CGACGTTCGGCAAGGATGTCAAGAGCCCGCCGCGGAAGGTCCGCATCAAGATCCGCGACGTC
 TGGACACGCGGACCTCGGCTACACGTACGCCGCGTGTCCGACAAGGACCTGCCGTGGCTG
 CAACCCAAGAGGACGACGCTGGTGGCCCCCAGAATACGGACAGCTCGGCAACGGTGGCGTT
 GATAAAGAAGAGTTTACTATTCCGGCCGACCATGGAGTTCGCTCACCTTGGTCCAGAACC
 AGGTGGTGGAGGTGCCGGACGTGGCTGTGCCGGCAAGGAGGCGGGGAAGGAGCAGCTGCTG
 GTGATCGACGGCATCGAGTTCGATCCGCAGGCGAACAACAAGTTCGACGTCGCCATCAACGT
 GCCAAGGACAAGGCGCTGCTGGTGGGGCCCCAGTTCAAGGAGTACGCCGGGAGCTTCGCCG
 TCGTGCCGGGCTCCGGCGCCGGCCTGATGCGGAAGGGGAAGGTCTCCCTCTGCATCACCGAC
 GTGCTGGCCGACATCAAGGCTGGCGGCGCGGTAACACCGTTCGACGTCGTTATCGTGCCGCG
 ACCGAAGCAAAGGTGA

>QPEU01360808.1_Fugian variedade SP80-3280 [AA]

MYIYFYERALGQLIGDDTFALPYWNWDAPAGMVVPLFSEGSTASNPLYDPNRSTDNLDKLI
 DLNYSNTGKEPIPFKGPDKDEKYKELENNLCTVYKQQASLIQLLFVFHTMSSQGTLEQMA
 HTAVHVWVGKAACDADSGGVLSHKDGKYNCFNDMGFLGSAANDPLFYSHSNVDRMWHLWST
 RLGGGQGITDPDWLDTSFVFDVVGKDKVSPRKRVIKIRDVLDTRDLGYTYAAVSDKDLPLW
 QPKRTTLVPPQNTDSSATVPLIKKSLFRPTMEFPLTLVQNQVVEVPDVAVPAKEAGKEQLL
 VIDGIEFDQPANNKFDVAINVPKDKALLVGPQFKEYAGSFAVVPGSGAGLMRKGKVSICITD
 VLADIKAGGAVTPSTSLSCRAPKQR*

NCBI

Conserved Domains

SH3 SH2 SH1

HOME SEARCH GUIDE NewSearch Structure Home 3D Macromolecular Structures Conserved Domains Pubchem Biosystems

Conserved domains on [cl|seqsig_MYIYF_d222e01cc35a7a95fbb49f5f8d3e2690] View Concise Results

Local query sequence

Protein Classification

tyrosinase family protein (domain architecture ID 10447092)
 tyrosinase family protein similar to chloroplastic polyphenol oxidase, chloroplastic (+)-larreatricin hydroxylase, and aureusidin synthase

Graphical summary Zoom to residue level [show extra options](#)

Query seq.

Specific hits

Superfamilies

[Search for similar domain architectures](#) [Refine search](#)

List of domain hits

| # | Name | Accession | Description | Interval | E-value |
|-----|------------|-----------|---|----------|----------|
| [+] | Tyrosinase | pfam00264 | Common central domain of tyrosinase. This family also contains polyphenol oxidases and some ... | 1-184 | 1.23e-31 |
| [+] | PPO1_KFDV | pfam12143 | Protein of unknown function (DUF_B2219); This domain family is found in eukaryotes, and is ... | 282-381 | 2.13e-27 |
| [+] | PPO1_DWL | pfam12142 | Polyphenol oxidase middle domain. This domain family is found in bacteria and eukaryotes, and ... | 194-253 | 8.60e-17 |