CLASSIFICAÇÃO FILOGENÉTICA DA FAMÍLIA BZIP DE *ANACARDIUM OCCIDENTALE* COM BASE EM *Arabidopsis thaliana*

Autores: Gilza Barcelos de Souza[1], Paulo Cezar Da Cunha Junior[1], Natanael Farias Almeida[1], Vinicius Sartori Fioresi[2], Angélica Maria Nogueira Portilho[2].

[1] Instituto Federal de Sergipe/Campus Glória, Povoado Piabas, Zona Rural- 49680000 - Nossa Senhora da Glória-SE, Brasil, gilza.barcelos@ifs.edu.br, paulo.junior@ifs.edu.br, natanaelfarias066@gmail.com.

[2] Universidade Federal do Espírito Santo, Centro de Ciências Agrárias e Engenharias, Alto Universitário, s/n, Guararema – 29500-000 – Alegre - ES, Brasil, vinicius_fioresi@hotmail.com, axnogueira@hotmail.com.

Resumo
O cajueiro (*Anacardium occidentale* L) é uma espécie vegetal de grande importância socioeconômica para a região Nordeste, onde está frequentemente exposto ao estresse abiótico e biótico. Os fatores de transcrição bZIP regulam importantes processos fisiológicos essenciais para as plantas. Desta forma, o estudo dessa família no cajueiro pode contribuir para a compreensão dos mecanismos moleculares envolvidos na tolerância aos estresses ambientais. Este trabalho analisou as relações filogenéticas das proteínas bZIP identificadas no genoma do cajueiro. Para a análise filogenética, as sequências AobZIP foram alinhadas com as proteínas bZIP de *Arcabidopsis thaliana*. A filogenia distribuiu as proteínas do cajueiro em 12 grupos. Os grupos A, S, D, E e I apresentaram maior número de representantes. O agrupamento entre as proteínas AobZIP e AtbZIP é um indicativo de conservação evolutiva entre as espécies. A expansão de alguns grupos pode estar relacionada aos eventos de duplicação gênica. Os resultados fornecem informações importantes para estudos de expressão gênica e caracterização funcional no cajueiro.
Palavras-chave: Fatores de transcrição. Análise in sílico. Proteínas.

Área do Conhecimento: Ciências Biológicas.

Introdução

O cajueiro (*A. occidentale* L.) é uma espécie frutífera de grande importância econômica, social e ambiental, especialmente para a região Nordeste do Brasil (Chen et al., 2023). A disponibilidade do genoma do cajueiro ampliou as possibilidades de investigação dos mecanismos moleculares envolvidos em seu crescimento, desenvolvimento e resposta às condições ambientais adversas (Savadi et al., 2022). Estudos comparativos também demonstram a expansão de famílias gênicas e a ocorrência de eventos de duplicação completa do genoma em *A. occidentale*, aspectos que podem ter contribuído para sua diversificação e adaptação (Fan; Chen; Chen, 2025).

Entre as famílias de fatores de transcrição, destacam-se a bZIP (*basic leucine zíper*), caracterizada por uma região básica de ligação ao DNA e um zíper de leucina envolvido na dimerização das proteínas. Esses fatores de transcrição regulam diferentes processos biológicos, incluindo germinação, crescimento, desenvolvimento, formação de sementes, sinalização hormonal e respostas a estresses bióticos e abióticos (Jakoby et al., 2002; Alves et al., 2013; Dröge-Laser et al., 2018; Liu et al., 2023).

Apesar da importância econômica e biológica do cajueiro, ainda são escassos os estudos filogenéticos sobre suas famílias gênicas, especialmente sobre os fatores de transcrição bZIP. Nesse contexto, este trabalho teve como objetivo analisar as relações filogenéticas das proteínas bZIP de *A. occidentale*, utilizando proteínas de *A. thaliana* como referência para sua classificação em grupos. Os resultados poderão contribuir para a compreensão da história evolutiva, da diversificação e das possíveis funções dessa família de fatores de transcrição no cajueiro.

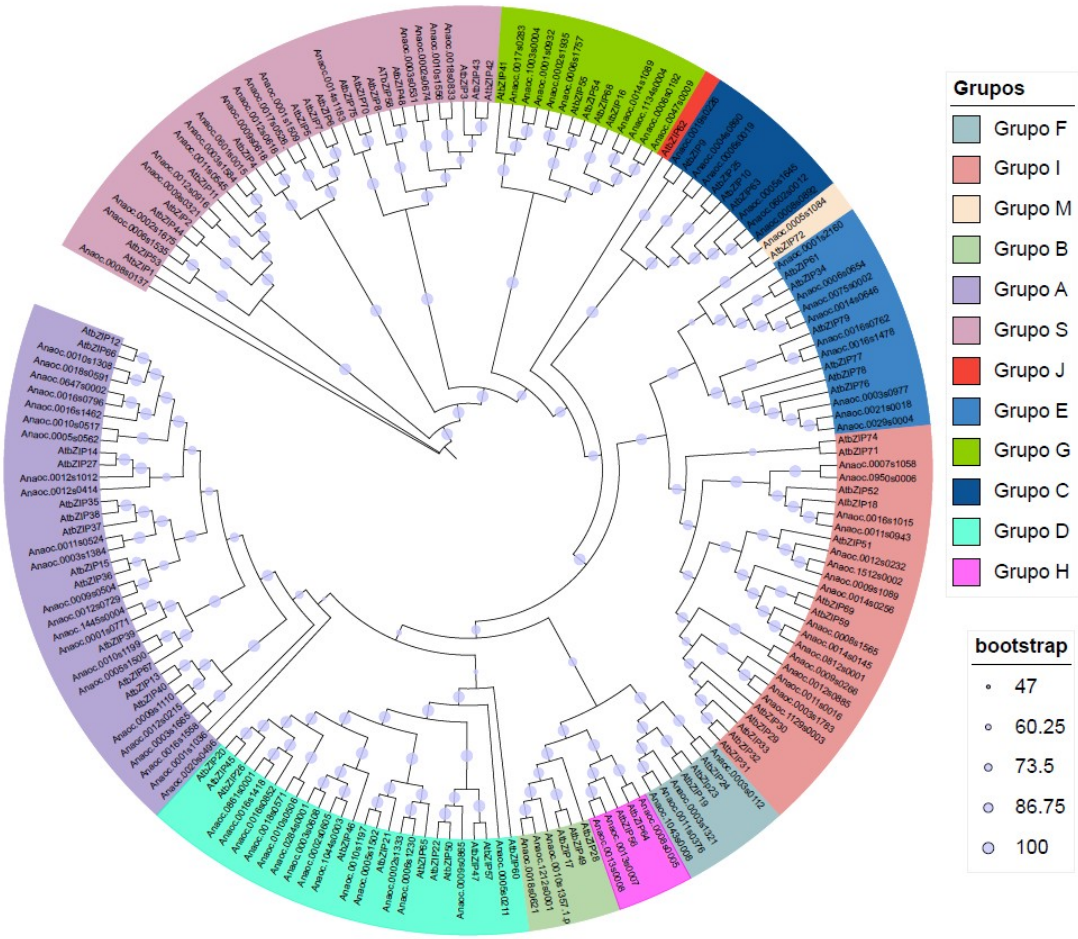
Metodologia

As sequências das proteínas bZIP identificadas neste estudo foram alinhadas com sequências de *A. thaliana*, utilizando o programa MAFFT v. 7.4, com a matriz de substituição BLOSUM62 e 20 *threads* (Katoh et al., 2002). O alinhamento múltiplo foi utilizado para a construção da árvore filogenética no programa IQ-TREE, empregando-se o método de máxima verossimilhança (ML) e 1.000 replicações de *bootstrap* para avaliar a confiabilidade dos agrupamentos (Nguyen et al., 2015). A visualização, a anotação e a edição gráfica da árvore foram realizadas nos programas iTOL e TBtools (Chen et al., 2020).

Resultados

A análise filogenética, baseada nas sequências das proteínas correspondentes aos transcritos principais dos 106 genes bZIP identificados em *A. occidentale* e nas sequências bZIP de *A. thaliana*, permitiu classificar as AobZIP em 12 grupos: A, B, C, D, E, F, G, H, I, J, M e S. As proteínas do cajueiro foram distribuídas entre todos os grupos, com número de membros nos grupos A, S, D, E e I, indicando ampla diversificação dessa família gênica.

Figura 1 – Análise filogenética das proteínas bZIP de *Anacardium occidentale* e *Arabidopsis thaliana*.



Fonte: Autores (2026).

As proteínas AobZIP agruparam-se com proteínas AtbZIP pertencentes aos mesmos grupos, demonstrando proximidade evolutiva e conservação entre as duas espécies. Também foram observadas proteínas do cajueiro próximas entre si, o que pode estar relacionado a eventos de duplicação e expansão da família bZIP dentro da espécie. Os valores de *bootstrap* forneceram

diferentes níveis de suporte aos agrupamentos, com vários clados apresentando elevada confiabilidade.

A proximidade filogenética com proteínas AtbZIP já caracterizadas possibilita inferir possíveis funções para as AobZIP. Essas proteínas podem participar da regulação do crescimento e do desenvolvimento vegetal, bem como das respostas a estresses bióticos e abióticos.

Discussão

A classificação das 106 proteínas AobZIP em 12 grupos filogenéticos demonstra a ampla diversificação dessa família de fatores de transcrição no cajueiro. Resultado semelhante foi observado em *Stevia rebaudiana*, na qual 105 proteínas bZIP foram distribuídas em 12 subfamílias (Wu et al., 2023), e no milheto, que apresentou 98 proteínas classificadas em 12 grupos (Jha et al., 2024). Apesar da semelhança no número de grupos, sua composição e nomenclatura podem variar entre as espécies. No cajueiro, as AobZIP foram classificadas nos grupos A, B, C, D, E, F, G, H, I, J, M e S, enquanto, no milheto (*Pennisetum glaucum*), foram reconhecidos os grupos A–I, S, U e X (Jha et al., 2024). Essa variação pode estar relacionada a processos específicos de duplicação, perda e divergência gênica ocorridos ao longo da evolução de cada linhagem. Além disso, a maior concentração de AobZIP nos grupos A, S, D, E e I pode indicar expansão diferencial ou retenção preferencial de genes nesses grupos. Entretanto, essa hipótese deverá ser confirmada por análises de duplicação gênica, sintenia, estrutura gênica e motivos conservados.

O agrupamento das proteínas AobZIP com proteínas AtbZIP de *A. thaliana* indica conservação evolutiva e permite levantar hipóteses sobre suas possíveis funções. Proteínas pertencentes ao mesmo grupo filogenético tendem a compartilhar características estruturais e funcionais; entretanto, essas inferências devem ser complementadas por análises de motivos conservados, estrutura gênica, elementos regulatórios e expressão gênica (Jakoby et al., 2002; Dröge-Laser et al., 2018). Os diferentes valores de *bootstrap* observados na árvore indicam níveis variáveis de confiabilidade: agrupamentos com maior suporte apresentam relações evolutivas mais consistentes, enquanto aqueles com valores reduzidos exigem interpretação mais cautelosa.

Os fatores de transcrição bZIP participam da regulação do crescimento, desenvolvimento, sinalização hormonal e respostas a estresses bióticos e abióticos (Jakoby et al., 2002; Dröge-Laser et al., 2018). Essa possível atuação é reforçada por Fan, Chen e Chen (2025), que identificaram enriquecimento da via de transdução de sinais hormonais entre as famílias gênicas expandidas de *A. occidentale*, sugerindo sua relação com mecanismos de defesa regulados por fitormônios. Assim, as AobZIP próximas a proteínas de *Arabidopsis* funcionalmente caracterizadas constituem candidatas promissoras para análises de expressão e validação funcional, especialmente em estudos sobre seca, temperatura e interação com patógenos. Contudo, a proximidade filogenética isoladamente não comprova equivalência funcional, sendo necessários outros experimentos, para caracterização funcional de cada genes AobZIP.

Conclusão

A família bZIP apresenta ampla diversificação no genoma do cajueiro, com suas proteínas distribuídas em 12 grupos filogenéticos. O agrupamento das AobZIP com proteínas de *A. thaliana* demonstra conservação evolutiva e possibilita inferir suas possíveis funções biológicas. Esses resultados contribuem para a compreensão da evolução da família bZIP em *A. occidentale* e fornecem subsídios para estudos futuros de expressão gênica e caracterização funcional. Assim, a análise filogenética auxilia na seleção de genes candidatos para estudos posteriores de expressão e caracterização funcional no cajueiro.

Referências

ALVES, Murilo S.; DADALTO, Silvana P.; GONÇALVES, Amanda B.; DE SOUZA, Gilza B.; BARROS, Vanessa A.; FIETTO, Luciano G. Plant bZIP transcription factors responsive to pathogens: a review. *International Journal of Molecular Sciences*, v. 14, n. 4, p. 7815–7828, 2013. DOI: https://doi.org/10.3390/ijms14047815. Disponível em: https://doi.org/10.3390/ijms14047815. Acesso em: 9 set. 2026.

CHEN, Chengjie et al. TBtools: an integrative toolkit developed for interactive analyses of big biological data. *Molecular Plant*, v. 13, n. 8, p. 1194–1202, 2020. DOI: https://doi.org/10.1016/j.molp.2020.06.009. Disponível em: https://doi.org/10.1016/j.molp.2020.06.009. Acesso em: 9 set. 2026.

DRÖGE-LASER, Wolfgang; SNOEK, Basten L.; SNEL, Berend; WEISTE, Christoph. The *Arabidopsis* bZIP transcription factor family: an update. *Current Opinion in Plant Biology*, v. 45, p. 36–49, 2018. DOI: https://doi.org/10.1016/j.pbi.2018.05.001. Disponível em: https://doi.org/10.1016/j.pbi.2018.05.001. Acesso em: 9 set. 2026.

FAN, Bing-Liang; CHEN, Lin-Hua; CHEN, Ling-Ling. Analysis of gene expansion and defense-related genes in Anacardiaceae family from an evolutionary aspect. *Frontiers in Plant Science*, v. 16, art. 1638044, 2025. DOI: https://doi.org/10.3389/fpls.2025.1638044. Disponível em: https://doi.org/10.3389/fpls.2025.1638044. Acesso em: 9 set. 2026.

JAKOBY, Marc et al. bZIP transcription factors in *Arabidopsis*. *Trends in Plant Science*, v. 7, n. 3, p. 106–111, 2002. DOI: https://doi.org/10.1016/S1360-1385(01)02223-3. Disponível em: https://doi.org/10.1016/S1360-1385(01)02223-3. Acesso em: 9 set. 2026.

JHA, Deepak Kumar; CHANWALA, Jeky; BARLA, Preeti; DEY, Nrisingha. Genome-wide identification of bZIP gene family in pearl millet and transcriptional profiling under abiotic stress, phytohormonal treatments; and functional characterization of PgbZIP9. *Frontiers in Plant Science*, v. 15, art. 1352040, 2024. DOI: https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1352040. Disponível em: https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1352040. Acesso em: 9 set. 2026.

KATOH, Kazutaka; MISAWA, Kazuharu; KUMA, Kei-ichi; MIYATA, Takashi. MAFFT: a novel method for rapid multiple sequence alignment based on fast Fourier transform. *Nucleic Acids Research*, v. 30, n. 14, p. 3059–3066, 2002. DOI: https://doi.org/10.1093/nar/gkf436. Disponível em: https://doi.org/10.1093/nar/gkf436. Acesso em: 9 set. 2026.

LIU, Hongyan; TANG, Xiaojing; ZHANG, Ning; LI, Shuang; SI, Haifeng. Role of bZIP transcription factors in plant salt stress. *International Journal of Molecular Sciences*, v. 24, n. 9, art. 7893, 2023. DOI: https://doi.org/10.3390/ijms24097893. Disponível em: https://doi.org/10.3390/ijms24097893. Acesso em: 9 set. 2026.

NGUYEN, Lam-Tung; SCHMIDT, Heiko A.; VON HAESELER, Arndt; MINH, Bui Quang. IQ-TREE: a fast and effective stochastic algorithm for estimating maximum-likelihood phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, v. 32, n. 1, p. 268–274, 2015. DOI: https://doi.org/10.1093/molbev/msu300. Disponível em: https://doi.org/10.1093/molbev/msu300. Acesso em: 9 set. 2026.

WU, Mengyang; CHEN, Jinsong; TANG, Weilin; JIANG, Yijie; HU, Zhaoyong; XU, Dongbei; HOU, Kai; CHEN, Yinyin; WU, Wei. Genome-wide identification and expression analysis of bZIP family genes in *Stevia rebaudiana*. *Genes*, v. 14, n. 10, art. 1918, 2023. DOI: https://doi.org/10.3390/genes14101918. Disponível em: https://doi.org/10.3390/genes14101918. Acesso em: 9 set. 2026.