# Oxitocina

U.C: GENÓMICA EVOLUTIVA E ESTRUTURAL;

DISCENTES: 2814, BERNARDO AUGUSTO;

2691, MARCELO PEREIRA;

DOCENTE: ANA RITA PONCE



### ÍNDICE

- ▶ Introdução
- ▶ Espécies escolhidas
- ▶ Informação geral
- Estrutura
- ▶ Função
- Pesquisas e comparações por BLAST
- Alinhamentos múltiplos
- Árvore filogenética
- Cladograma
- ▶ Conclusão
- ▶ Bibliografia



## INTRODUÇÃO

- Neuro péptido mais abundante no hipotálamo;
- Conhecido em espécies de mamíferos;
- ▶ Espécies escolhidas;
- ► Alguns conceitos.



## ESPÉCIES ESCOLHIDAS



Octodon degus



Homo sapiens sapiens



Rhinopithecus roxellana



Bos taurus



Gorilla gorila gorilla



Phyllostomus discolor



## ESPÉCIES ESCOLHIDAS

- Só encontrámos oxitocina em mamíferos e bactérias;
- ▶ Porque será?

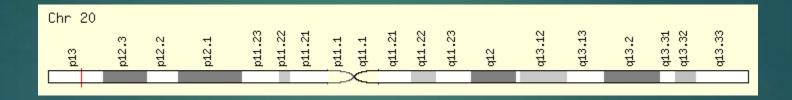


## INFORMAÇÃO GERAL

Localização do gene	20p13 (no cromossoma 20)
Dimensão do gene	3647 bases
Número de intrões e exões	7 exões, 6 intrões
Tamanho do transcrito	2865 pb
Tamanho da proteína	125 aminoácidos
Função	Contração do musculo relaxado do útero e da glândula mamaria. Esta hormona contrai o musculo relaxado durante a parto e lactação. Isto também envolve a cognição, tolerância, adaptação e comportamento sexual e materno complexo, como também a nível da regulação da secreção de água e funções cardiovasculares.
Regiões importantes da proteína	///////////////////////////////////////
Mutações ou variantes existentes	h19, h18, h17



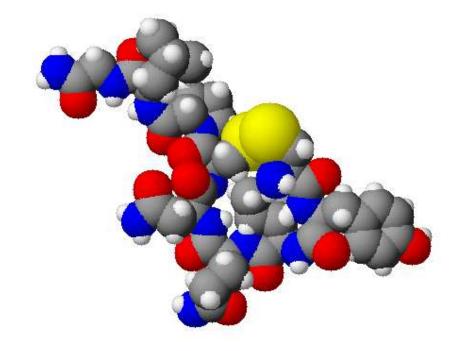
## INFORMAÇÃO GERAL





### **ESTRUTURA**

- ► Tem estrutura **terciária**.
- Oxitocina é um péptido de nove aminoácidos (nonapéptido);
- Sequência: cisteína-tirosinaisoleucina-glutamina-asparaginacisteína-prolina-leucina-glicinaamida (Cys – Tyr – Ile – Gln – Asn – Cys – Pro – Leu – Gly – NH2);





## **FUNÇÃO**



Função hormonal;



Atividades são reguladas por recetores específicos de oxitocina;



Importante papel no processo reprodutivo;



Causa contração do musculo relaxado do útero e da glândula mamária.

### PESQUISAS E COMPARAÇÕES POR BLAST



BLAST - algoritmo comparar sequências biológicas (como sequências de aminoácidos ou nucleótidos).



Pesquisa BLAST comparamos a nossa sequência de interesse (query) com um conjunto de sequências ou uma base de dados de sequências



Identificar as sequências mais parecidas com a nossa sequência de interesse.



## PESQUISAS E COMPARAÇÕES POR BLAST



>XP 010377283.1 oxytocin-neurophysin 1 [Rhinopithecus roxellana] MASPSLACCLLGLLALTSACYIONCPLGGKRAAPDLDVRKCLPCGPGGKGRCFGPNICCAEELGCFVGTAEALRCQEENY LPSPCQSGQKACGSGGRCAVFGLCCSPDGCHADPACDMEATFSQH

>XP\_028380479.1 oxytocin-neurophysin 1-like [Phyllostomus discolor] MALPSLACCLLGLLALTSACYITNCPVGGKRATMDFDVRKCLPCGPGGKGRCFGPSICCGDELGCFLGTAEALRCOEETY LPSPCQSGQKACGDEGRCAANGICCSPDGCHSDPACDLQAAFSQH





>XP 004634307.1 oxytocin-neurophysin 1 [Octodon degus] MTGPSLTCCLLGLLSLTSACYIONCPLGGKRATLDLDVRKCLPCGPGGQGRCFGPSICCADALGCFVGTAEALRCREENF LPSPCQSGRKPCAGGGRCAADGVCCSSDGCRTDPACDADADDEAAFSER

>AAA98806.1 oxytocin-neurophysin I [Homo sapiens] MAGPSLACCLLGLLALTSACYIQNCPLGGKRAAPDLDVRKCLPCGPGGKGRCFGPNICCAEELGCFVGTA EALRCQEENYLPSPCQSGQKACGSGGRCALGLCCSPDGCHADPACDAEATFSQR



>XP\_030860831.1 oxytocin-neurophysin 1 [Gorilla gorilla] MAGPSLACCLLGLLALTSACYIQNCPLGGKRAAPDLDVRKCLPCGPGGEGRCFGPNICCAEELGCFVGTAEALRCQEENY LPSPCQSGQKACGSGGRCAVLGLCCSPDGCHADPACDMEATFSQH

>NP\_789825.1 oxytocin-neurophysin 1 preproprotein [Bos taurus] MAGSSLACCLLGLLALTSACYIONCPLGGKRAVLDLDVRTCLPCGPGGKGRCFGPSICCGDELGCFVGTAEALRCOEENY LPSPCQSGQKPCGSGGRCAAAGICCSPDGCHEDPACDPEAAFSQH









## ALINHAMENTOS MÚLTIPLOS



Alinhamento de três ou mais sequências biológicas, geralmente proteínas, DNA ou RNA;



Difícil alinhar à mão três ou mais sequências de comprimento biologicamente relevante;



Utilizam-se algoritmos computacionais para produzir e analisar os alinhamentos.



### ALINHAMENTOS MÚLTIPLOS

- MUSCLE (Multiple Sequence Comparison by LogExpectation).
- Utilizámos as sequências de aminoácidos das espécies recolhidas e apresentamos o alinhamento múltiplo.

```
CLUSTAL multiple sequence alignment by MUSCLE (3.8)
```

```
Roedor
                  MTGPSLTCCLLGLLSLTSACYIQNCPLGGKRATLDLDVRKCLPCGPGGQGRCFGPSICCA
Morcego
                  MALPSLACCLLGLLALTSACYITNCPVGGKRATMDFDVRKCLPCGPGGKGRCFGPSICCG
                  MAGSSLACCLLGLLALTSACYIONCPLGGKRAVLDLDVRTCLPCGPGGKGRCFGPSICCG
Gado
Homem
                  MAGPSLACCLLGLLALTSACYIONCPLGGKRAAPDLDVRKCLPCGPGGKGRCFGPNICCA
Gorila
                  MAGPSLACCLLGLLALTSACYIONCPLGGKRAAPDLDVRKCLPCGPGGEGRCFGPNICCA
Macaco-dourado
                  MASPSLACCLLGLLALTSACYIQNCPLGGKRAAPDLDVRKCLPCGPGGKGRCFGPNICCA
                   Roedor
                  DALGCFVGTAEALRCREENFLPSPCQSGRKPCAGGGRCAADGVCCSSDGCRTDPACDADA
Morcego
                  DELGCFLGTAEALRCQEETYLPSPCQSGQKACGDEGRCAANGICCSPDGCHSDPACDL - -
Gado
                  DELGCFVGTAEALRCOEENYLPSPCOSGOKPCGSGGRCAAAGICCSPDGCHEDPACDP - -
Homem
                  EELGCFVGTAEALRCQEENYLPSPCQSGQKACGSGGRCA-LGLCCSPDGCHADPACDA--
Gorila
                  EELGCFVGTAEALRCQEENYLPSPCQSGQKACGSGGRCAVLGLCCSPDGCHADPACDM--
Macaco-dourado
                  EELGCFVGTAEALRCQEENYLPSPCQSGQKACGSGGRCAVFGLCCSPDGCHADPACDM--
                  **** ****** ** ****** * * **** * * ****
Roedor
                  DDEAAFSER
Morcego
                  --QAAFSQH
Gado
                  --EAAFSQH
Homem
                  --EATFSOR
Gorila
                  --EATFSQH
Macaco-dourado
                   --EATFSOH
                    *****
```

PLEASE NOTE: Showing colors on large alignments is slow.



## ÁRVORE FILOGENÉTICA









Representação gráfica, em forma de árvore

Relações evolutivas entre várias espécies ou outras entidades que possam ter um ancestral comum; Cada nó com descendentes representa o mais recente antepassado comum;

Comprimentos dos ramos podem representar estimativas do tempo evolutivo.



### ÁRVORE FILOGENÉTICA

- Existem dois tipos diferentes:
  - ▶ Real (representado);
  - ▶ Cladograma;

#### Phylogenetic Tree

This is a Neighbour-joining tree without distance corrections.

Branch length: Cladogram Real

Roedor 0.12758
Morcego 0.09355
Gado 0.04245
Homem 0.00805
Gorila 0.01099
Macaco-dourado 0.01301



### CLADOGRAMA



Cladograma é um diagrama usado em cladística que mostra as relações (filogenéticas ou genealógicas) entre táxons terminais;



Em nível de espécie ou grupos supraespecíficos;

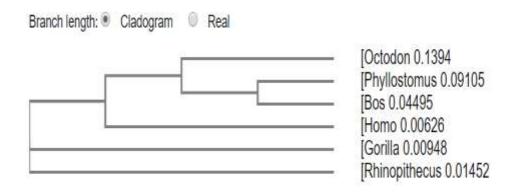


Sequências de DNA e RNA e a filogenética computacional são agora normalmente usados para gerar cladogramas.

### **CLADOGRAMA**

### Phylogenetic Tree

This is a Neighbour-joining tree without distance corrections.



### CONCLUSÃO

- Suspeitas iniciais:
  - Presença nos mamíferos
- Leitura da árvore filogenética e cladograma
- ► A ferramenta BLAST:
  - Utilidade
  - Aprendizagem



#### **BIBLIOGRAFIA**

- https://www.genecards.org/cgibin/carddisp.pl?gene=OXT&keywords=oxytocin
- https://omim.org/entry/167050
- https://medpri.me/upload/texto/texto-aula-645.html
- https://pt.wikipedia.org/wiki/Ocitocina#Fun%C3%A7%C3%B5es\_biol%C3%B3gicas
- https://pt.wikipedia.org/wiki/%C3%81rvore\_filogen%C3%A9tica
- https://pt.wikipedia.org/wiki/Alinhamento\_m%C3%BAltiplo\_de\_sequ%C3%AAncias
- https://pt.wikipedia.org/wiki/BLAST
- https://www.infoescola.com/hormonios/ocitocinas/
- http://www.cpgls.pucgoias.edu.br/8mostra/Artigos/SAUDE%20E%20BIOLOGICAS/A%20ocitocina%20e%20suas%20in%C3%BAmeras%20aplica%C3%A7%C3%B5es%20-%20Mariana%20Patr%C3%ADcio%20de%20Oliveira%20corrigido.pdf
- https://www.uniprot.org/uniprot/P01178.txt

