

Tabela 4.6 – Análise da estrutura secundária e resíduos funcionais dos fragmentos das estruturas das proteínas removidos selecionados. O agrupamento de resíduos funcionais fundamentou-se na aglomeração de resíduos catalíticos (EzCatDB) e de ligação a outras proteínas (iPfam) ou cofatores em regiões espaciais das proteínas (Materiais e Métodos). (continua)

Símbolo Gênico	PDB	Tamanho da remoção (aa)	Resíduos				Distância entre CA (Å)	Resíduos funcionais removidos	Frequência de grupos de resíduos funcionais afetados	Anotação biológica do fragmento perdido pelo evento de AS
			Perda de domínios completos	do fragmento expostos ao solvente (%)	Elemento de superfície	Elemento de core				
MAGOH	1p27_A	37	Não	73	Sim	Não	19,84	55, 56, 59, 62, 63 e 85	2/2	Perde resíduos que interagem com outras subunidades do complexo
NCBP2	1h2u_X	53	Não	68	Sim	Sim	5,66	Não observado	0/0	Perde o domínio de ligação ao RNA
SHMT1	1cj0_A	39	Não	Faltam resíduos na estrutura	Sim	Não	Faltam resíduos na estrutura	257, 258, 259, 260, 261, 265, 267 e 270	1/1	Perde resíduos que atuam na homodimerização da proteína
BCL2L1	1maz_	63	Não	73	Sim	Sim	28,30	144, 145, 147, 148, 151, 152, 155, 156, 160, 163, 164, 167, 168, 170, 171, 174, 175 e 179	1/1	Perda de 2/3 do domínio BH4 de ligação ao domínio de proteínas portadoras do domínio BH3

Tabela 4.6 – Análise da estrutura secundária e resíduos funcionais dos fragmentos das estruturas das proteínas removidos selecionados. O agrupamento de resíduos funcionais fundamentou-se na aglomeração de resíduos catalíticos (EzCatDB) e de ligação a outras proteínas (iPfam) ou cofatores em regiões espaciais das proteínas (Materiais e Métodos). (continuação)

Símbolo Gênico	PDB	Tamanho da remoção (aa)	Resíduos			Distância entre CA (Å)	Resíduos funcionais removidos	Frequência de		Anotação biológica do fragmento perdido pelo evento de AS
			Perda de domínios completos	Expostos ao solvente (%)	Elemento de superfície			Elemento de core	grupos de resíduos funcionais afetados	
ACADS	1jqi_A	46	Não	70	-	39,30	242, 243, 244, 246, 247, 249, 250, 251, 253, 254, 256, 257, 258, 260, 261, 264, 273, 275, 276 e 285	1/1	Perde resíduos relacionados à ligação à Acetil-CoA e ao FAD. São perdidos também resíduos relacionados à tetramerização	
IVD	livh_A	30	Não	70	Não	23,79	21, 36, 37 e 40	1/1	Perde resíduos que interagem com domínios internos da proteína	
BACE1 (variante 1)	1m4h_B	44	Não	66	Sim	20,92	94 e 95	1/1	Perde resíduos que atuam na homodimerização da proteína e também são alvos do seu inibidor OM00-3	
BACE1 (variante 2)	1m4h_B	25	Não	60	Sim	26,63	132 e 144	1/1	Perde resíduos que atuam na homodimerização da proteína	

Tabela 4.6 – Análise da estrutura secundária e resíduos funcionais dos fragmentos das estruturas das proteínas removidos selecionados. O agrupamento de resíduos funcionais fundamentou-se na aglomeração de resíduos catalíticos (EzCatDB) e de ligação a outras proteínas (iPfam) ou cofatores em regiões espaciais das proteínas (Materiais e Métodos). (continuação)

Símbolo Gênico	PDB	Tamanho da remoção (aa)	Resíduos			Elemento de superfície	Elemento de core	Distância entre CA (Å)	Resíduos funcionais removidos	Frequência de grupos de resíduos funcionais afetados		Anotação biológica do fragmento perdido pelo evento de AS
			Perda de domínios completos	do fragmento expostos ao solvente (%)	Resíduos funcionais expostos					Resíduos funcionais afetados	Resíduos funcionais afetados	
AUH	1hzd_A	16	Não	94	Sim	Não	22,42	Não observado	0/2		Perde resíduos do domínio relacionado ao metabolismo de lipídeos e também relacionado à polimerização	
CYP2C9	1og2_A	18	Não	78	Sim	Não	18,19	Não observado	0/1		Perde resíduos no domínio de degradação de toxinas e também relacionado à homodimerização	
PEA15	1n3k_A	22	Não	68	Sim	Não	20,16	Não observado	0/0		Perde o domínio DED (Death Effector Domain) de interação com outras proteínas	
DHPS (variante 1)	1dhs_	56	Não	89	Sim	Sim	28,48	Não observado	0/0		Perde resíduos relacionados à ligação da proteína ao NAD	
DHPS (variante 2)	1dhs_	47	Não	98	Sim	Sim	29,91	Não observado	0/0		Perde resíduos relacionados à ligação da proteína ao NAD	
APEX1	1e9n_A	29	Não	52	Sim	Sim	21,29	Não observado	0/1		Não há informação disponível	

Tabela 4.6 – Análise da estrutura secundária e resíduos funcionais dos fragmentos das estruturas das proteínas removidos selecionados. O agrupamento de resíduos funcionais fundamentou-se na aglomeração de resíduos catalíticos (EzCatDB) e de ligação a outras proteínas (iPfam) ou cofatores em regiões espaciais das proteínas (Materiais e Métodos). (continuação)

Símbolo Gênico	PDB	Tamanho da remoção (aa)	Resíduos				Frequência de			Anotação biológica do fragmento perdido pelo evento de AS
			Perda de domínios completos	do fragmento expostos ao solvente (%)	Elemento de superfície	Elemento de core	Distância entre CA (Å)	Resíduos funcionais removidos	grupos de resíduos funcionais afetados	
LDLR (variante 1)	1n7d_A	127	Sim	91	-	-	88,03	Não observado	0/1	Perde três domínios de ligação da proteína a LDL
LDLR (variante 2)	1n7d_A	40	Sim	87	-	-	30,86	323, 324, 325 e 331	1/1	Perde resíduos em um dos domínios de EGF que liga- se ao cálcio
POLB	1bpx_A	29	Não	59	Sim	Não	19,80	233, 234 e 235	1/5	Perde resíduos na folha-β onde estão os resíduos catalíticos
PTK2	1k05_A	15	Não	75	-	-	26,15	Não observado	0/1	Perde resíduos relacionados à localização celular
IFNGR1	1fg9_C	34	Não	71	Sim	Não	26,75	53, 54, 56, 78, 79, 80 e 82	1/2	Perde resíduos relacionados à ligação do receptor com o Interferon Gama
IL4	1bbn_	16	Não	100	Sim	Sim	25,77	Não observado	0/0	Não há informação disponível
GSTM1	1gtu_A	38	Não	38	Sim	Sim	15,10	Não observado	0/2	Perde resíduos que margeiam um dos dois grupos de resíduos funcionais, relacionados à homodimerização

Tabela 4.6 – Análise da estrutura secundária e resíduos funcionais dos fragmentos das estruturas das proteínas removidos selecionados. O agrupamento de resíduos funcionais fundamentou-se na aglomeração de resíduos catalíticos (EzCatDB) e de ligação a outras proteínas (iPfam) ou cofatores em regiões espaciais das proteínas (Materiais e Métodos). (continuação)

Símbolo Gênico	PDB	Resíduos				Distância entre CA (Å)	Elemento de core	Elemento de superfície	Resíduos funcionais removidos	Frequência de		Anotação biológica do fragmento perdido pelo evento de AS
		Tamanho da remoção (aa)	Perda de domínios completos	do fragmento expostos ao solvente (%)	grupos de resíduos funcionais afetados					resíduos funcionais afetados		
PSMB2	1iru_Y	25	Não	64	Sim	Sim	17,27	Não observado	0/0	0/0	Perde resíduos que interagem com outras subunidades do complexo	
PSMA2	1iru_B	70	Não	67	Sim	Sim	27,99	Não observado	0/0	0/0	Perde resíduos que interagem com outras subunidades do complexo	
PSMA3	1iru_G	7	Não	43	Não	Sim	27,03	Não observado	0/0	0/0	Perde resíduos que interagem com outras subunidades do complexo	
PSMA4	1iru_C	31	Não	73	Sim	Sim	34,00	Não observado	0/0	0/0	Perde resíduos que interagem com outras subunidades do complexo	
GSTO1	1eem_A	33	Não	58	Sim	Sim	15,94	124	1/1	1/1	Perde resíduos que estão no sítio catalítico da enzima	
GTF2A2	1invp_D	3	Não	100	Sim	Não	8,43	Não observado	0/1	0/1	Não há informação disponível	

Tabela 4.6 – Análise da estrutura secundária e resíduos funcionais dos fragmentos das estruturas das proteínas removidos selecionados. O agrupamento de resíduos funcionais fundamentou-se na aglomeração de resíduos catalíticos (EzCatDB) e de ligação a outras proteínas (iPfam) ou cofatores em regiões espaciais das proteínas (Materiais e Métodos). (continuação)

Símbolo Gênico	PDB	Tamanho da remoção (aa)	Resíduos			Elemento de superfície	Elemento de core	Distância entre CA (Å)	Resíduos funcionais removidos	Frequência de grupos de resíduos funcionais afetados	Anotação biológica do fragmento perdido pelo evento de AS
			Perda de domínios completos	do fragmento expostos ao solvente (%)							
RELA	1nfi_A	190	Sim	67	-	-	30,75	94, 96, 101, 103, 164, 166, 170, 171, 172, 220, 222 e 223	2/2	Perde totalmente o domínio de ligação ao DNA e parcialmente o domínio que funciona como receptor	
CCS	1do5_A	14	Não	71	Sim	Sim	24,72	Não observado	0/1	Perde resíduos que se ligam ao zinco e que fazem parte do arcabouço de entrega de átomos de cobre a outras proteínas	
CP	1kcw_	49	Não	100	Sim	Sim	15,47	Não observado	0/1	Não há informação disponível	
SOD1	1hl4_A	20	Não	71	Sim	Não	17,24	6, 8 e 18	1/2	Perde resíduos que atuam na dimerização	
PRG2	1h8u_A	11	Não	73	Sim	Não	14,45	14	1/2	Perde resíduos no domínio de ligação a açúcares	
NOS2A	1nsi_A	25 e 14	Não	60 e 43	Sim	Sim	14,08 e 27,56	Não observado	0/1	Perde resíduos no domínio que sintetiza NO	

Tabela 4.6 – Análise da estrutura secundária e resíduos funcionais dos fragmentos das estruturas das proteínas removidos selecionados. O agrupamento de resíduos funcionais fundamentou-se na aglomeração de resíduos catalíticos (EzCatDB) e de ligação a outras proteínas (iPfam) ou cofatores em regiões espaciais das proteínas (Materiais e Métodos). (continuação)

Símbolo Gênico	PDB	Resíduos					Frequência de			Anotação biológica do fragmento perdido pelo evento de AS
		Tamanho da remoção (aa)	Perda de domínios completos	do fragmento expostos ao solvente (%)	Elemento de superfície	Elemento de core	Distância entre CA (Å)	Resíduos funcionais removidos	grupos de resíduos funcionais afetados	
ARP3BETA (variante 1)	1k8k_A	66	Não	64	Sim	Sim	29,62	Não observado	0/0	Não há informação disponível
ARP3BETA (variante 2)	1k8k_A	28	Não	57	Sim	Não	40,89	Não observado	0/0	Não há informação disponível
ARPC4	1k8k_F	32	Não	66	Sim	Não	13,64	Não observado	0/0	Perde resíduos relacionados à ligação da proteína com outras do complexo (ARP3BETA)
NXF1	1jkg_B	14	Não	57	Sim	Não	36,68	530, 531, 532, 533 e 535	1/1	Perde resíduos relacionados à ligação da proteína com outras do complexo
NSEPI	1b95_A	30	Não	87	Sim	Não	18,69	Não observado	0/0	Perde o domínio de ligação ao DNA
MAPK12	1cm8_A	10	Não	30	Sim	Não	15,20	Não observado	0/1	Perde resíduos que margem o sítio catalítico da proteína

Tabela 4.6 – Análise da estrutura secundária e resíduos funcionais dos fragmentos das estruturas das proteínas removidos selecionados. O agrupamento de resíduos funcionais fundamentou-se na aglomeração de resíduos catalíticos (EzCatDB) e de ligação a outras proteínas (iPfam) ou cofatores em regiões espaciais das proteínas (Materiais e Métodos). (continuação)

Símbolo Gênico	PDB	Tamanho da remoção (aa)	Resíduos				Distância entre CA (Å)	Resíduos funcionais removidos	Frequência de grupos de resíduos funcionais afetados	Anotação biológica do fragmento perdido pelo evento de AS
			Perda de domínios completos	do fragmento expostos ao solvente (%)	Elemento de superfície	Elemento de core				
SHC1 (variante 2)	1shc_A	18	Não	78	Sim	Sim	28,46	Não observado	0/0	O fragmento corresponde a parte do domínio de ligação da proteína a receptores de proteínas tirosina-quinases
PSCD2	1fgz_A	28	Não	82	Sim	Não	30,75	Não observado	0/0	Perde resíduos que interagem com o ligante também na homodimerização da proteína
PPP1CA	1fjm_A	44	Não	55	Sim	Sim	23,99	Não observado	0/1	Perde resíduos que margem os resíduos catalíticos da enzima
PDCD6	1hqv_A	2	Não	50	Sim	Não	5,28	Não observado	0/1	Não há informação disponível

Tabela 4.6 – Análise da estrutura secundária e resíduos funcionais dos fragmentos das estruturas das proteínas removidos selecionados. O agrupamento de resíduos funcionais fundamentou-se na aglomeração de resíduos catalíticos (EzCatDB) e de ligação a outras proteínas (iPfam) ou cofatores em regiões espaciais das proteínas (Materiais e Métodos). (continuação)

Símbolo Gênico	PDB	Tamanho da remoção (aa)	Perda de domínios completos	Resíduos		Elemento de superfície	Elemento de core	Distância entre CA (Å)	Resíduos funcionais removidos	Frequência de		Anotação biológica do fragmento perdido pelo evento de AS
				do fragmento expostos ao solvente (%)	grupos de resíduos funcionais afetados							
ATP5B	1bmf_D	71	Não	65	Sim	Sim	31,08	311, 313, 314, 315, 317, 318, 319, 323, 326, 327, 328, 329, 330, 337, 341, 351, 352, 353 e 354	1/1		Perde boa parte do domínio de síntese de ATP, inclusive o sítio de ligação ao ADP, e esta região interage com outras proteínas	
CESI	1mx1_A	44	Não	50	Sim	Sim	39,83	1458, 1459, 1460, 1461, 1462, 1463 e 1464	1/3		Perde resíduos que interagem com outras subunidades do complexo e também com o seu substrato	
HSD17B4	1gz6_A	3	Não	67	Sim	Não	11,50	Não observado	0/1		Não há informação disponível	
PPT1	1eh5_A	24	Não	67	Sim	Não	18,59	Não observado	0/1		Não há informação disponível	

Tabela 4.6 – Análise da estrutura secundária e resíduos funcionais dos fragmentos das estruturas das proteínas removidos selecionados. O agrupamento de resíduos funcionais fundamentou-se na aglomeração de resíduos catalíticos (EzCatDB) e de ligação a outras proteínas (iPfam) ou cofatores em regiões espaciais das proteínas (Materiais e Métodos). (continuação)

<i>Símbolo Gênico</i>	<i>PDB</i>	<i>Tamanho da remoção (aa)</i>	<i>Perda de domínios completos</i>	<i>Resíduos</i>		<i>Elemento de superfície</i>	<i>Elemento de core</i>	<i>Distância entre CA (Å)</i>	<i>Resíduos funcionais removidos</i>	<i>Frequência de grupos de resíduos funcionais afetados</i>	<i>Anotação biológica do fragmento perdido pelo evento de AS</i>
				<i>do fragmento expostos ao solvente (%)</i>	<i>afetados</i>						
QDPR	1hdr_	31	Não	100	Sim	Não	21,60	Não observado	0/1	Não há informação disponível	
HADH2	1e3s_A	9	Não	44	Não	Sim	32,63	Não observado	0/1	Perde resíduos relacionados à ligação da proteína ao NAD	
DTYMK	1e2d_A	43	Não	49	Sim	Sim	14,29	97 e 101	1/1	Perde resíduos relacionados à ligação da proteína ao TMP e também do sítio catalítico	
PYGM	1pyg_C	160	Não	56	Sim	Sim	26,87	174, 184 e 185	2/5	Perde resíduos relacionados à ligação da proteína com o PDP e com a formação do tetrâmero	
UROS	1jr2_A	28	Não	54	Sim	Não	41,79	Não observado	0/2	Não há informação disponível	
LYPLA1	1fj2_A	16	Não	69	Sim	Não	8,67	Não observado	0/1	Perde uma pequena região de contato na homodimerização da proteína e esta região forma o arcabouço catalítico da proteína	

Tabela 4.6 – Análise da estrutura secundária e resíduos funcionais dos fragmentos das estruturas das proteínas removidos selecionados. O agrupamento de resíduos funcionais fundamentou-se na aglomeração de resíduos catalíticos (EzCatDB) e de ligação a outras proteínas (iPfam) ou cofatores em regiões espaciais das proteínas (Materiais e Métodos). (continuação)

Símbolo Gênico	PDB	Tamanho da remoção (aa)	Perda de domínios completos	Resíduos			Distância entre CA (Å)	Resíduos funcionais removidos	Frequência de grupos de resíduos funcionais afetados	Anotação biológica do fragmento perdido pelo evento de AS
				do fragmento expostos ao solvente (%)	Elemento de superfície	Elemento de core				
NQO1 (variante 1)	1d4a_A	34	Não	59	Sim	Sim	13,07	154, 160, 161, 166, 167, 169 e 170	1/1	Perde resíduos relacionados à ligação da proteína ao FAD e também relacionados à homodimerização
NQO1 (variante 2)	1d4a_A	38	Não	53	Sim	Sim	20,82	101, 102, 103, 104, 105, 106, 107, 108, 109, 110, 111, 113, 114, 116, 117, 120, 126, 128, 131 e 132	1/1	Perde resíduos relacionados à ligação da proteína ao FAD e ao RH1. Estes resíduos também são relacionados à homodimerização
NQO2	1qr2_A	38	Não	58	Sim	Sim	17,18	104, 105, 106, 107, 108, 109, 110, 111, 113, 114, 116, 117, 120, 126 e 132	1/1	Perde resíduos relacionados à ligação da proteína ao FAD e ao RH1. Estes resíduos também são relacionados à homodimerização

Tabela 4.6 – Análise da estrutura secundária e resíduos funcionais dos fragmentos das estruturas das proteínas removidos selecionados. O agrupamento de resíduos funcionais fundamentou-se na aglomeração de resíduos catalíticos (EzCatDB) e de ligação a outras proteínas (iPfam) ou cofatores em regiões espaciais das proteínas (Materiais e Métodos). (continuação)

Símbolo Gênico	PDB	Tamanho da remoção (aa)	Resíduos			Elemento de superfície	Elemento de core	Distância entre CA (Å)	Resíduos funcionais removidos	Frequência de grupos de resíduos funcionais afetados	Anotação biológica do fragmento perdido pelo evento de AS
			Perda de domínios completos	do fragmento expostos ao solvente (%)	Elemento de superfície						
GRB2	1gri_A	41	Não	61	Sim	Sim	18,60	60, 61, 63, 64, 89, 93 e 95	1/2	Perde resíduos que atuam na homodimerização	
CAPZB	lizn_B	19	Não	68	Sim	Sim	33,02	137, 138, 139, 143, 144, 145 e 146	1/1	O gene está envolvido com a ação da actina. O evento de AS causa a perda de resíduos envolvidos na dimerização com CAPZA	
GYG	1llo_E	4	Não	100	Sim	Não	9,08	157 e 160	1/3	Perde resíduos que interagem com outras subunidades do complexo	
NFKBIA	1nfi_E	43	Não	63	Sim	Não	18,50	Não observado	0/1	Perde resíduos que interagem com outras subunidades do complexo	
GGA3	1lf8_A	33	Não	61	Sim	Não	22,17	74 e 75	1/1	Perde resíduos relacionados à ligação da proteína com outra do complexo	
SHC1 (variante 1)	1tce_A	32	Não	75	Sim	Sim	17,96	Não observado	0/0	Perde resíduos no domínio de transdução de sinal da proteína (SH2)	

Tabela 4.6 – Análise da estrutura secundária e resíduos funcionais dos fragmentos das estruturas das proteínas removidos selecionados. O agrupamento de resíduos funcionais fundamentou-se na aglomeração de resíduos catalíticos (EzCatDB) e de ligação a outras proteínas (iPfam) ou cofatores em regiões espaciais das proteínas (Materiais e Métodos).

<i>Símbolo Gênico</i>	<i>PDB</i>	<i>Resíduos</i>				<i>Distância entre CA (Å)</i>	<i>Resíduos funcionais removidos</i>	<i>Frequência de grupos de resíduos funcionais afetados</i>	<i>Anotação biológica do fragmento perdido pelo evento de AS</i>	
		<i>Tamanho da remoção (aa)</i>	<i>Perda de domínios completos</i>	<i>do fragmento expostos ao solvente (%)</i>	<i>Elemento de superfície</i>					<i>Elemento de core</i>
ALDOA	1ado_B	11	Não	64	Sim	Sim	28,69	Não observado	0/1	Perde resíduos catalíticos (literatura) e também resíduos que estão presentes no arcabouço catalítico da proteína
UROD (variante 1)	1uro_A	21	Não	29	Não	Sim	27,03	86	1/1	Perde um resíduo catalítico e parte do arcabouço catalítico
UROD (variante 2)	1uro_A	54	Não	54	Sim	Não	18,73	164	1/1	Perde um resíduo catalítico e parte do arcabouço catalítico
AKR1C2	1ihi_A	26	Não	73	Sim	Não	17,65	128 e 129	1/2	Perde resíduos catalíticos e também resíduos que atuam na ligação ao substrato
CHIT1	1lg1_A	19	Não	68	Sim	Sim	35,44	Não observado	0/0	Perde resíduos relacionados à ligação da proteína com seu inibidor

Tabela 4.6– Análise da estrutura secundária e resíduos funcionais dos fragmentos das estruturas das proteínas removidos selecionados. O agrupamento de resíduos funcionais fundamentou-se na aglomeração de resíduos catalíticos (EzCatDB) e de ligação a outras proteínas (iPfam) ou cofatores em regiões espaciais das proteínas (Materiais e Métodos). (conclusão)

Símbolo Gênico	PDB	Resíduos				Frequência de			Anotação biológica do fragmento perdido pelo evento de AS	
		Tamanho da remoção (aa)	Perda de domínios completos	do fragmento expostos ao solvente (%)	Elemento de superfície	Elemento de core	Distância entre CA (Å)	Resíduos funcionais removidos		grupos de resíduos funcionais afetados
CH3L1	1h3v_A	61	Não	66	Sim	Sim	21,38	238, 239, 242, 243, 246, 247, 268, 277 e 278	2/2	Perde resíduos que interagem com outras subunidades do complexo e resíduos que interagem com o substrato da proteína
CDK2	1fvv_C	33	Não	41	Sim	Sim	27,29	Não observado	0/2	Não há informação disponível
TYMS	1ju6_A	28	Não	74	Sim	Não	15,81	157, 158, 160, 172, 173, 175, 176, 178, 180, 182, 183, 184 e 185	1/1	Perde resíduos relacionados à homodimerização
UBE2A	1q34_B	30	Não	57	Sim	Não	19,11	Não observado	0/0	Não há informação disponível
VHL	1lm8_V	41	Não	68	Sim	Sim	29,34	Não observado	0/1	Perde resíduos que interagem com outras proteínas do complexo
PDXK	1lhr_B	28	Não	57	Sim	Sim	6,84	Não observado	0/0	Perde resíduos que margem os resíduos catalíticos da enzima