



UNIVERSIDADE ESTADUAL DO PIAUÍ  
CAMPUS PROFESSOR ARISTON DIAS LIMA  
LICENCIATURA PLENA EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS

EDILENE NEGREIROS DAMASCENO

ANÁLISES *IN SILICO* DA FAMÍLIA ABC TRANSPORTERS EM FEIJÃO COMUM

SÃO RAIMUNDO NONATO - PI  
2025

EDILENE NEGREIROS DAMASCENO

ANÁLISES *IN SILICO* DA FAMÍLIA ABC TRANSPORTERS EM FEIJÃO COMUM

Trabalho de Conclusão de Curso  
apresentado ao Curso de Licenciatura  
Plena em Ciências Biológicas da  
Universidade Estadual do Piauí, *Campus*  
Professor Ariston Dias Lima, como  
requisito parcial à conclusão do curso.  
Orientadora: Profa. Dra. Maria Fernanda  
da Costa Gomes.

SÃO RAIMUNDO NONATO - PI

2025

D155a Damasceno, Edilene Negreiros.

Análises in silico da família ABC transporters em feijão comum / Edilene Negreiros Damasceno. - 2025. 60f.: il.

Monografia (graduação) - Universidade Estadual do Piauí - UESPI, Curso de Licenciatura Plena em Ciências Biológicas, Campus Ariston Dias Lima, São Raimundo Nonato - PI, 2025.

"Orientador: Profa. Dra. Maria Fernanda da Costa Gomes".

1. ATP-binding cassette. 2. Bioinformática. 3. Melhoramento Vegetal. 4. *Phaseolus vulgaris*. I. Gomes, Maria Fernanda da Costa . II. Título.

CDD 570

EDILENE NEGREIROS DAMASCENO

ANÁLISES *IN SILICO* DA FAMÍLIA ABC TRANSPORTERS EM FEIJÃO COMUM

Trabalho de Conclusão de Curso  
apresentado ao Curso de Licenciatura  
Plena em Ciências Biológicas da  
Universidade Estadual do Piauí, *Campus*  
Professor Ariston Dias Lima, como  
requisito parcial à conclusão do curso.  
Orientadora: Profa. Dra. Maria Fernanda  
da Costa Gomes.

Aprovado em: 16/01/2025

BANCA EXAMINADORA:

---

Presidente: Dra. Maria Fernanda da Costa Gomes  
UNIVERSIDADE ESTADUAL DO PIAUÍ

---

Membro 1: Dra. Gizele de Andrade Luz  
UNIVERSIDADE FEDERAL DE PERNAMBUCO

---

Membro 2: Dra. Elvia Jéssica da Silva Oliveira  
CENTRO UNIVERSITÁRIO MAURÍCIO DE NASSAU

SÃO RAIMUNDO NONATO - PI

2025

## **AGRADECIMENTOS**

Agradeço,

A Deus, fonte de força, sabedoria e conforto, pela luz nos momentos mais difíceis.

À minha família, pelo apoio e pela confiança depositada em mim ao longo desta caminhada. Vocês são a minha base e a razão pela qual perseverei até aqui.

Ao meu namorado, por todo amor, compreensão e incentivo. Sua presença foi uma fonte de conforto e motivação constante.

Aos meus amigos, que estiveram ao meu lado nos momentos de alegria e nas horas difíceis. Suas palavras de encorajamento e companhia tornaram este percurso mais leve.

A todos os professores da UESPI, por compartilharem conhecimento, por sua dedicação ao ensino e por contribuírem para a minha formação acadêmica.

E, especialmente, à minha orientadora, por sua paciência, sabedoria e orientação ao longo deste processo. Seus ensinamentos transcendem os muros acadêmicos e serão levados comigo, com muito carinho, por toda a minha vida. Sou imensamente grata por acreditar em mim.

A todos vocês, minha eterna gratidão.

## RESUMO

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma leguminosa de importância mundial. Entretanto, seu cultivo é afetado por estresses bióticos e abióticos. As proteínas transmembranas ABC *transporters* (*ATP-binding cassette*) desempenham um papel fundamental na resposta de tolerância das plantas a estresses. Apesar disso, pouco é conhecido a respeito dos ABC *transporters* em feijão comum. Desse modo, objetivou-se a identificação e caracterização *in silico* dos genes e proteínas PvABC (ABC *transporters* de *P. vulgaris*). Para a identificação das proteínas, ABC *transporters* de *Arabidopsis thaliana* foram submetidos a um BLASTp (*e-value* < e-10) no proteoma de *P. vulgaris* alocado no NCBI. As sequências peptídicas identificadas foram submetidas ao HMMER e no InterProScan para confirmação de domínio. Os pesos moleculares e pontos isoelétricos, além de hélices transmembranas, motivos conservados e localização subcelular, foram preditos nos softwares ExPASy, TMHMM, MEME, DeepLoc e Wolf PSORT, respectivamente. Para a análise filogenética foram utilizados os software MAFFT e IQTree. Os genes PvABC foram caracterizados quanto às estruturas exon-ítron pelo GSDS e a localização cromossomal via TBtools. As sequências promotoras dos genes PvABC foram submetidas ao PlantCARE para prever os elementos *cis*-regulatórios. No total, foram identificadas 180 proteínas ABC (tamanho entre 72 e 1.945 aa) correspondentes a 164 genes de *P. vulgaris*. O ponto isoelétrico das proteínas PvABC variou de 5,57 (PvABCI114) a 10,86 (PvABCI162), enquanto o peso molecular oscilou de 7.919,25 (PvABCC134) a 210.122,4 Da (PvABCB58). A predição de hélices transmembranas revelou a presença de 0 a 17 hélices, sendo que a maioria das proteínas PvABC tem 06 hélices transmembranas e foram preditas, principalmente, na membrana plasmática. A análise no MEME revelou 10 motivos conservados na família PvABC, com o motivo 01 sendo o mais conservado estando presente em 157 (87,2%) das proteínas PvABC. A análise filogenética distribuiu as proteínas PvABC em 07 subfamílias, PvABC A (06), PvABC B (32), PvABC C (32), PvABC D (05), PvABC F (07), PvABC G (80) e PvABC I (18). A localização cromossômica revelou 161 genes PvABC distribuídos nos 11 cromossomos de *P. vulgaris*, com exceção de um gene mitocondrial (PvABCI162) e dois genes (PvABCC163 e PvABCG164) com *locus* não identificado. O cromossomo 01 teve o maior número de genes mapeados, com 38 genes PvABC. O número de exons e íntrons variou, respectivamente, entre 1 – 36 e 0 – 35. Identificou-se 112 elementos *cis*-regulatórios nas regiões promotoras dos 162 genes PvABC, sendo que 49 elementos foram categorizados em três grupos funcionais: elementos responsivos a estresses (07), elementos responsivos a hormônios (12) e elementos responsivos à luz (30). Alguns dos principais elementos *cis*-regulatórios identificados foram os elementos envolvidos na indução anaeróbica (ARE), ABRE e Box 4. Diversos estudos realizados em outras espécies de plantas revelam uma variedade de funções das proteínas ABC, relacionadas ao desenvolvimento e tolerância a estresses. Portanto, nossos resultados fornecem uma base para pesquisas adicionais sobre a função dos genes PvABC com potencial para aplicação no melhoramento genético de *P. vulgaris*.

**Palavras-chave:** *ATP-binding cassette*; bioinformática; melhoramento vegetal; *Phaseolus vulgaris*.

## ABSTRACT

Common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is an important legume worldwide. However, its cultivation is affected by biotic and abiotic stresses. Transmembrane proteins ABC transporters (ATP-binding cassette) play a key role plant's tolerance response to stresses. However, little is known about ABC transporters in common bean. Thus, the aim of this study was to identify and characterize *in silico* the PvABC genes and proteins (ABC transporters of *P. vulgaris*). For protein identification, ABC transporters of *Arabidopsis thaliana* were subjected to BLASTp (e-value < e-10) in the *P. vulgaris* proteome hosted at NCBI. The identified peptide sequences were submitted to HMMER and InterProScan for domain confirmation. Molecular weights and isoelectric points, as well as transmembrane helices, conserved motifs and subcellular localization, were predicted using ExPASy, TMHMM, MEME, DeepLoc and Wolf PSORT software, respectively. MAFFT and IQTree software were used for phylogenetic analysis. PvABC genes were characterized regarding exon-intron structures by GSDS and chromosomal localization by TBtools. The promoter sequences of PvABC genes were submitted to PlantCARE to predict *cis*-regulatory elements. In total, 180 ABC proteins (size between 72 and 1,945 aa) corresponding to 164 *P. vulgaris* genes were identified. The isoelectric point of PvABC proteins ranged from 5.57 (PvABCI114) to 10.86 (PvABCI162), while the molecular weight ranged from 7,919.25 (PvABCC134) to 210,122.4 Da (PvABCB58). The prediction of transmembrane helices revealed the presence of 0 to 17 helices, with the majority of PvABC proteins having 06 transmembrane helices and being predicted mainly in the plasma membrane. The MEME analysis revealed 10 conserved motifs in the PvABC family, with motif 01 being the most conserved, being present in 157 (87.2%) of the PvABC proteins. Phylogenetic analysis distributed PvABC proteins into 07 subfamilies, PvABCA (06), PvABCB (32), PvABCC (32), PvABCD (05), PvABCf (07), PvABCG (80) and PvABCI (18). Chromosomal localization revealed 161 PvABC genes distributed in the 11 chromosomes of *P. vulgaris*, except for one mitochondrial gene (PvABCI162) and two genes (PvABCC163 and PvABCG164) with unidentified *locus*. Chromosome 01 had the largest number of mapped genes, with 38 PvABC genes. The number of exons and introns ranged from 1 to 36 and 0 to 35, respectively. A total of 112 *cis*-regulatory elements were identified in the promoter regions of the 162 PvABC genes, and 49 elements were categorized into three functional groups: stress-responsive elements (07), hormone-responsive elements (12), and light-responsive elements (30). Some of the main *cis*-regulatory elements identified were the elements involved in anaerobic induction (ARE), ABRE, and Box 4. Several studies carried out in other plant species reveal a variety of functions of ABC proteins related to development and stress tolerance. Therefore, our results provide a basis for further research on the function of PvABC genes with potential for application in the genetic improvement of *P. vulgaris*.

**Keywords:** ATP-binding cassette; bioinformatics; plant breeding; *Phaseolus vulgaris*.

## SUMÁRIO

<b>1 INTRODUÇÃO</b>	<b>8</b>
<b>2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA</b>	<b>10</b>
<b>2.1 Família ABC <i>transporters</i></b>	<b>10</b>
<b>2.2 Bioinformática</b>	<b>12</b>
<b>2.3 Feijão comum (<i>P. vulgaris</i>)</b>	<b>16</b>
<b>3 METODOLOGIA</b>	<b>20</b>
<b>3.1 Identificação e caracterização dos ABC <i>transporters</i> em <i>P. vulgaris</i></b>	<b>20</b>
<b>3.2 Mapeamento <i>in silico</i> e inferência funcional</b>	<b>20</b>
<b>3.3 Isolamento da região promotora</b>	<b>21</b>
<b>3.4 Identificação dos elementos <i>cis</i>-regulatórios</b>	<b>21</b>
<b>4 RESULTADOS E DISCUSSÃO</b>	<b>22</b>
<b>4.1 Identificação dos membros da família gênica ABC <i>transporters</i> em <i>P. vulgaris</i></b>	<b>22</b>
<b>4.2 Predição transmembrana e localização subcelular</b>	<b>27</b>
<b>4.3 Estrutura gênica e motivos conservados da família PvABC</b>	<b>27</b>
<b>4.4 Distribuição cromossômica e análises filogenéticas de PvABC <i>transporters</i></b>	<b>28</b>
<b>4.5 Identificação e classificação dos elementos <i>cis</i>-regulatórios nos genes PvABC</b>	<b>32</b>
<b>5 CONCLUSÕES</b>	<b>38</b>
<b>REFERÊNCIAS</b>	<b>39</b>
<b>APÊNDICES</b>	<b>48</b>

## 1 INTRODUÇÃO

Os ABC *transporters* (*ATP-binding cassette*) representam uma das maiores famílias gênicas encontradas em organismos procariotos e eucariotos, sendo numerosos em genomas de plantas (Lopez-Ortiz *et al.*, 2019). Essa família é constituída por proteínas que realizam o transporte de inúmeras moléculas (carboidratos, peptídeos, metais pesados, hormônios, lipídios, etc.) através das membranas biológicas (Mishra *et al.*, 2019). O transporte desses materiais orgânicos ocorre de forma ativa, utilizando energia advinda da hidrólise do ATP e assim atuam na formação das células vegetais especializadas (Do; Martinoia; Lee, 2018).

As proteínas ABC geralmente são constituídas por dois domínios de ligação a nucleotídeos (NBDs), responsáveis pela hidrólise do ATP; e dois domínios transmembranares (TMDs) que formam um poro na membrana permitindo a passagem dos substratos (Do *et al.*, 2021; Rees; Johnson; Lewinson, 2009). Nas células vegetais, além de estarem localizadas na membrana plasmática, as proteínas ABC são encontradas nas membranas de mitocôndrias e cloroplastos, desempenhando papel importante no metabolismo do ferro; e na membrana do tonoplasto, atuando na desintoxicação interna de íons metálicos, o que protege o material genético e garante o crescimento celular (Dahuja *et al.*, 2021).

A caracterização dos ABC *transporters* revela seu papel no desenvolvimento vegetal, incluindo a regulação do transporte de hormônios, a eliminação de substâncias tóxicas, a secreção de metabólitos secundários, a manutenção da homeostase osmótica, a transdução de sinais e a resposta a estresses bióticos e abióticos (Huang *et al.*, 2021).

Estudos de bioinformática a fim de caracterizar os ABC *transporters*, foram realizados em plantas de grande interesse socioeconômico, como *Arabidopsis thaliana*, arroz (*Oryza sativa*), soja (*Glycine max*), cevada (*Hordeum vulgare*), milho (*Zea mays*) e uva (*Vitis vinifera*) (Zhang *et al.*, 2020). Entretanto, apesar de sua importância socioeconômica, ainda não há uma caracterização geral da família ABC *transporters* no feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.).

O feijão comum é uma das leguminosas mais consumidas mundialmente pela população humana por ser uma boa fonte de proteína vegetal, minerais e compostos antioxidantes (Karavidas *et al.*, 2022). O cultivo desta leguminosa, entretanto, enfrenta desafios, pois sua produtividade é afetada por estresses bióticos, como doenças bacterianas (ex: ferrugem causada por *Pseudomonas syringae* pv. *Phaseolicola*), fúngicas e virais, pragas de insetos e nematóides; e abióticos, como a seca, calor, frio e deficiência de nutrientes do solo ou toxicidade (Lobaton *et al.*, 2018). Além disso, o calor é um dos principais fatores limitantes da produção do feijão comum uma vez que temperaturas acima de 30°C durante o

dia reduzem o rendimento e a qualidades dos grãos (Assefa *et al.*, 2019). Dessa forma, o calor é um fator preocupante para a produção do feijão comum em regiões semiáridas como o nordeste brasileiro, o que inclui o estado do Piauí (Sousa; Ferreira, 2021).

O estresse causado por temperaturas elevadas desestabiliza a estrutura das membranas e provoca danos ao metabolismo vegetal (Dahuja *et al.*, 2021). Os ABC *transporters* desempenham papel fundamental na resposta de tolerância das plantas ao estresse de calor, pois regulam a composição lipídica para manter a integridade das membranas celulares, e realizam o transporte de ABA (ácido abscísico) e de metabólitos secundários ao longo de toda a planta (Dahuja *et al.*, 2021).

A regulação e a expressão dos genes codificadores das proteínas ABC são diretamente influenciadas pelos elementos *cis*-regulatórios inseridos na região promotora, por isso, é essencial conhecer o comportamento desses elementos para um amplo entendimento sobre a regulação da expressão desses genes (Farias, 2013).

Considerando o papel dos ABC *transporters* no desenvolvimento vegetal e na resposta a estresses, bem como a importância socioeconômica do feijão comum, este trabalho objetivou uma caracterização detalhada da estrutura gênica e proteica, bem como predição dos elementos *cis*-regulatórios dessa família em *P. vulgaris* via ferramentas computacionais. Os resultados deste trabalho fornecem informações significativas para uma maior elucidação funcional dos ABC *transporters* em feijão comum úteis aos programas de melhoramento desta espécie.

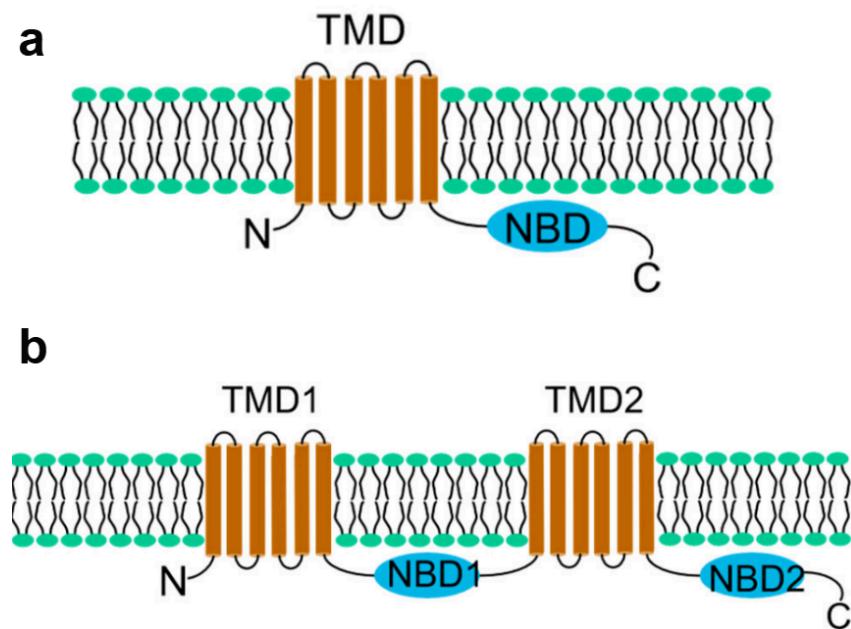
## 2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

### 2.1 Família ABC *transporters*

Os ABC *transporters* são proteínas transmembranas que realizam a ligação de ATP- $Mg^{2+}$ , hidrólise de ATP e liberação de ADP/fosfato para que ocorra o transporte de uma grande variedade de substâncias através das membranas biológicas, além de regular funções celulares (Do *et al.*, 2021; Thomas; Tampé, 2020). Em sua maioria, os ABC *transporters* compartilham uma arquitetura comum que é formada por dois domínios de ligação de nucleotídeos (NBDs), localizados no citoplasma, altamente conservados e dois domínios transmembranares (TMDs) variáveis, incluídos na membrana e que formam a estrutura da via de translocação (Rees; Johnson; Lewinson, 2009).

Com base no número e na distribuição espacial desses domínios, essas proteínas podem ser categorizadas em três tipos: os ABC *transporters* compostos por dois TMDs e dois NBDs são classificados em transportadores completos (Figura 1), os que são formados por um TMD e um NBD são chamados de transportadores de meio tamanho ou meio transportadores e os que são constituídos por dois NBDs são chamados de proteínas solúveis (Banasiak; Jasiński, 2022; Dahuja *et al.*, 2021).

**Figura 1** - Representação de um ABC *transporter* classificado como transportador de meio tamanho (a) e um transportador completo (b).

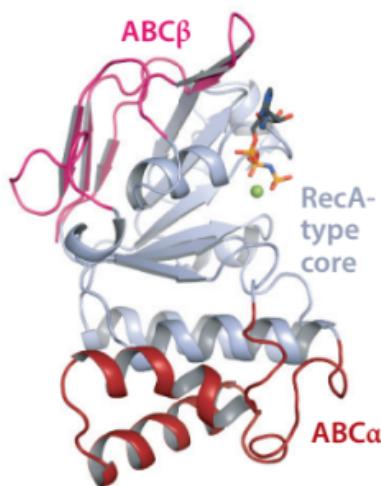


Fonte: Adaptado de Feng; Bayaer; Qi, 2022.

Os NBDs consistem em um núcleo de ligação de ATP do tipo RecA, que é constituído por uma folha beta de seis fitas cercada por quatro alfa-hélices (hélices A-D), e é

complementado com uma folha beta antiparalela de três fitas específica de ABC ( $ABC\beta$ ) e um subdomínio alfa-hélice ( $ABC\alpha$ ) (Figura 2) (Thomas; Tampé, 2020). Além disso, a subunidade ABC é caracterizada pelos seguintes motivos de sequência e elementos estruturais: o Walker A (P-loop), Walker B, o motivo de assinatura (C-loop), A-loop, D-loop, Q-loop e o H-switch (Thomas; Tampé, 2020). Diferentemente dos NBDs, as sequências e estruturas dos TMDs são diversas, o que reflete a diversidade química dos substratos transportados (Rees; Johnson; Lewinson, 2009).

**Figura 2** - Representação de um NBD com um núcleo RecA e as estruturas  $ABC\beta$  e  $ABC\alpha$ .



Fonte: Thomas; Tampé, 2020.

Os TMDs atuam na seleção de transporte e reconhecimento de substrato, ficam inseridos na bicamada fosfolipídica das membranas e, de modo geral, consistem em 4-6 alfa-hélices (Naaz; Ahmad; Qureshi, 2023). Além disso, as subunidades inseridas na membrana são estruturalmente diversas e essas dobras são categorizadas em três conjuntos, importadores tipos I e II e exportadores, de acordo com a direção do transporte (Naaz; Ahmad; Qureshi, 2023). Entretanto, em estudos recentes, Thomas *et al.* (2020) sugerem uma nova classificação dos ABC *transporters* em tipos distintos I-VII, com base na homologia estrutural da sua dobra TMD. Portanto, devido a essa grande variação na estrutura TMD, são encontrados ABC *transporters* com quantidades bem distintas de alfa-hélices. E a quantidade de hélices pode variar de 0 a 20 dependendo da estrutura da subunidade que estiver inserida na membrana e do número de TMDs que constituírem a proteína (Banasiak; Jasiński, 2022; Rees; Johnson; Lewinson, 2009).

A família de proteínas ABC *transporters* é dividida em 8 subfamílias (A, B, C, D, E, F, G, H e I), entretanto a subfamília H não é encontrada em plantas (Dahuja *et al.*, 2021;

Naaz; Ahmad; Qureshi, 2023). Essas proteínas são nomeadas com base na presença de uma ou duas estruturas ABC ou dobras de ligação de nucleotídeos (NBFs), que compartilham 30~40% de identidade entre os membros da família (Verrier *et al.*, 2008).

Essa família de proteínas é uma das maiores encontradas nos seres vivos, principalmente nas plantas (Do *et al.*, 2021). Estudos, realizados em espécies de grande importância econômica, relataram 130 genes ABC *transporters* em *A. thaliana*, 141 em arroz (*O. sativa*), 130 em milho (*Z. mays*) e 261 para soja (*G. max*) (Devanna *et al.*, 2021; Hwang *et al.*, 2016; Mishra *et al.*, 2019).

Os ABC *transporters* são caracterizados por uma grande variedade de funções nas plantas, influenciando em diversos processos como crescimento, desenvolvimento e defesa a estresses bióticos ou abióticos (Li *et al.*, 2021; Naaz; Ahmad; Qureshi, 2023). Essas proteínas ajudam as plantas a sobreviverem e serem competitivas em condições extremas, como calor e seca, e podem, inclusive, ter sido essenciais para a adaptação da vida das plantas ao ambiente terrestre, atuando no desenvolvimento da cutícula das plantas (Hwang *et al.*, 2016). Além disso, essas proteínas transportam diversos compostos através das membranas biológicas, incluindo metabólitos secundários, compostos xenobióticos, fitohormônios, lipídios, catabólitos de clorofila e íons de metais pesados tóxicos (Dahuja *et al.*, 2021; Kumari *et al.*, 2021).

Apesar de ter sido caracterizada em diversas espécies de importância econômica, essa família de proteínas permanece com suas características desconhecidas para o feijão comum. A caracterização dos ABC *transporters* em feijão comum é importante para auxiliar em estudos futuros que visem o melhoramento genético dessa espécie.

## 2.2 Bioinformática

A bioinformática é uma área da biologia que estuda o armazenamento, a manipulação e a interpretação de dados biológicos, a partir de abordagens computacionais (Zhang; Zhou; Wang, 2013). Para isso ela integra dados da biologia molecular com ferramentas computacionais e métodos matemáticos (Branco; Choupina, 2021; Zhang; Zhou; Wang, 2013). No estudo da bioinformática, são utilizadas duas principais abordagens: o desenvolvimento de novas ferramentas computacionais, tanto do ponto de vista de *software* quanto de *hardware*, para melhor manuseio e processamento de dados biológicos; e o uso da bioinformática para o estudo da biologia, ou seja, os pesquisadores também desenvolvem ferramentas quando necessário, mas estão mais interessadas em entender procedimentos e mecanismos biológicos (Zhang; Zhou; Wang, 2013).

A bioinformática é uma área recente, que se consolidou a partir da segunda metade do século XX, com avanços nas ciências computacionais e na biologia molecular (Jawdat, 2006). Alguns desses principais avanços foram: o uso da eletroforese para separar proteínas em solução, por Tiselius (1933); desenvolvimento do modelo da dupla hélice de DNA, por Watson e Crick (1953); e o primeiro circuito integrado, construído por Kilby ainda na década de 1950 (Gauthier *et al.*, 2019; Jawdat, 2006).

Já nas décadas de 1960 e 1970, alguns dos avanços mais significativos foram: o desenvolvimento do *software* COMPROTEIN e o uso do código de aminoácidos de uma letra no *Atlas of Protein Sequence and Structure*, por Dayhoff e Eck (1965); o sequenciamento de DNA, por Maxam e Gilbert (1976) e pouco tempo depois por Sanger (1977); surgimento da *internet* nos anos 1970, por Cerf e Kahn; e o surgimento do algoritmo Needleman-Wunsch (1970) (Gauthier *et al.*, 2019; Jawdat, 2006).

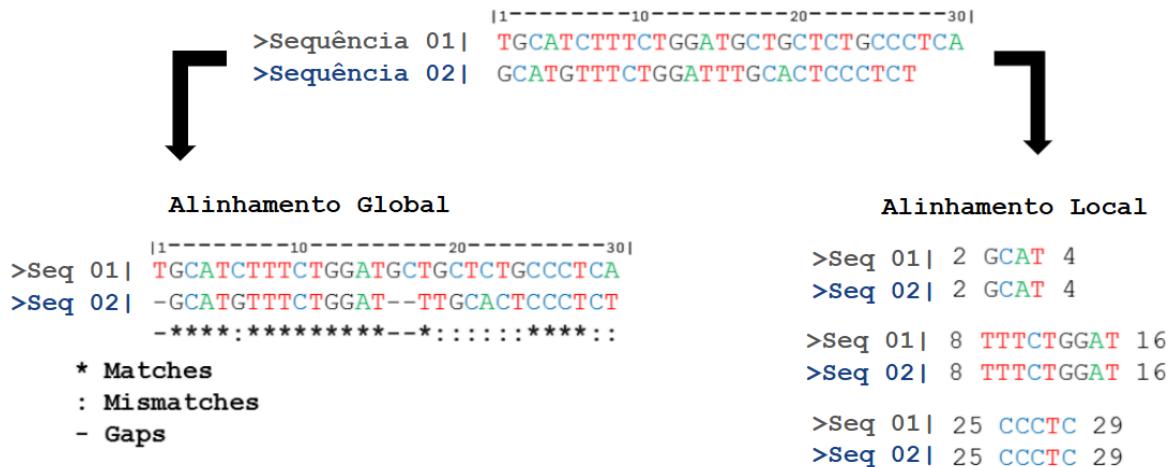
Posteriormente, nas décadas de 1980 e 1990, houve o aprimoramento da PCR, por Mullis (1983) e a construção de bancos de dados de proteínas SWISS-PROT ([www.swissprot20.org](http://www.swissprot20.org)) (1986). Além disso, ocorreu o desenvolvimento do *software* MSA CLUSTAL (1988); o surgimento do NCBI (*National Center for Biotechnology Information*) no Instituto Nacional do Câncer dos EUA (1988); publicações de algoritmos para alinhamento e comparação de sequências, como o algoritmo Smith-Waterman (1981) e o algoritmo FASTA (1985); e o surgimento do programa BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*) (Gauthier *et al.*, 2019; Jawdat, 2006).

Já a partir do século XXI, um dos avanços mais notáveis foi a publicação do genoma humano completo (2003) (Gauthier *et al.*, 2019; Jawdat, 2006). Os avanços possibilitaram o surgimento de uma quantidade massiva de dados biológicos, denominado “*Big data*”, e com isso houve a necessidade de implantar uma infraestrutura de computação de alto desempenho e ferramentas para o armazenamento, gerenciamento e análise de todas essas informações (Zerlotini Neto *et al.*, 2020).

Atualmente a bioinformática dispõe de inúmeros bancos de dados e *softwares* para lidar com esses dados biológicos (Branco; Choupina, 2021; Kamble; Khairkar, 2016). Esses recursos são utilizados em campos distintos, incluindo a análise e construção de sequências, análise de funções e estruturas e a construção de novos bancos de dados (Kushwaha *et al.*, 2017). Dentre os bancos de dados de sequências nucleotídicas de acesso público, o GenBank se destaca como o banco mais popular, ele possui aproximadamente 199 milhões de entradas de sequências de DNA e está acoplado ao NCBI, um banco de dados biológicos com diversos recursos *online* (Bhat; Wijaya; Parikesit, 2019; Selzer; Marhöfe; Koch, 2018).

Outra ferramenta essencial da bioinformática é o alinhamento de sequências. O alinhamento compara sequências biológicas de DNA ou proteínas entre si, a partir da similaridade entre as sequências analisadas (Castro, 2017). As ferramentas utilizadas no alinhamento de sequências podem ser de dois tipos: global e local (Figura 3). No alinhamento global, as sequências são alinhadas de forma completa em toda sua extensão, já no alinhamento local são alinhados apenas trechos semelhantes entre as sequências (Vesanto, 2019). O alinhamento pode ser simples (quando compara duas sequências) ou múltiplo (quando analisa três ou mais sequências) (Araújo, 2019).

**Figura 3** - Tipos de alinhamentos entre as sequências, alinhamento global e local.



Entre os recursos da bioinformática, o BLAST é a ferramenta mais amplamente utilizada para identificar as regiões de similaridade entre sequências biológicas (González-Pech; Stephens; Chan, 2019). O algoritmo BLAST pode ser utilizado na análise de diferentes dados biológicos, e é subdividido em três principais variações: o BLASTn, que compara sequências de nucleotídeos contra um banco de dados de nucleotídeos; o BLASTp, que compara sequências de aminoácidos contra um banco de dados de proteínas; e o BLASTx, que analisa sequências de nucleotídeos traduzidas para proteína e as compara com sequências de proteínas do banco de dados (Neis, 2020).

Além disso, algumas ferramentas analisam a organização estrutural dos genes, com a finalidade de realizar estudos evolutivos e funcionais de famílias gênicas. Desse modo, uma das ferramentas de análises de sequências gênicas é o GSDS (*Gene Structure Display Server*), um servidor de *web* utilizado na visualização das estruturas exons e íntrons, posição e outras características dos genes (Hu *et al.*, 2015). E o TBtools é um *software* que contém várias

ferramentas para a análise de dados biológicos, permitindo incluir um grande volume de sequências, além de visualizar e manipular os dados (Chen *et al.*, 2020).

Entre as ferramentas da bioinformática, uma utilizada para análise de proteínas é o programa HMMER, desenvolvido para identificar a ocorrência de sequências homólogas entre proteínas nos bancos de dados de famílias proteicas Pfam e TIGRFRAMs, os quais possuem alinhamentos já definidos (Nascimento, 2017). Outra ferramenta é o InterPro que comprehende uma variedade de bancos de dados que em conjunto fornecem informações sobre famílias de proteínas e anotação proteica (Blum *et al.*, 2021). Entre os bancos de dados de proteínas, o UniProt (*Universal Protein Resource*) tem como principal recurso a base de conhecimento UniProtKB (*Universal Protein Resource Knowledgebase*), que fornece informações funcionais sobre as proteínas (Pundir; Martin; O'donovan, 2017).

Além disso, existem bancos de dados de organismos modelo, como o TAIR (*Arabidopsis Information Resource*) que é exclusivo para *Arabidopsis thaliana*. Esse banco de dados é responsável por armazenar informações funcionais e estruturais desse genoma de referência (Chen *et al.*, 2018; Krishnakumar *et al.*, 2017). Já o TransportDB é um banco de dados que disponibiliza exclusivamente informações funcionais de proteínas transportadoras de membrana em organismos com sequenciamento genômico completo disponível (Elbourne *et al.*, 2017).

Além destes, o MEME (*Multiple Em for Motif Elicitation*) é um programa disponibilizado na web, utilizado para revelar e analisar motivos conservados de sequências proteicas (Silva, 2020). O ExPASy (*Bioinformatics Resource Portal*) é um servidor utilizado para calcular vários parâmetros de uma determinada sequência proteica, como peso molecular, ponto isoelétrico e outras composições químicas e físicas dos aminoácidos (Gallardo, 2017). Ainda com relação às análises proteicas, o TMHMM (*TransMembrane Hidden Markov Model*) é um programa utilizado para a predição de hélices transmembranas e diferenciar as proteínas solúveis e as de membrana (Samsulrizal *et al.*, 2021).

Algumas ferramentas realizam a predição de localização subcelular de proteínas, uma delas é o DeepLoc, um algoritmo que realiza a análise das sequências com base em uma rede neural profunda (Armenteros *et al.*, 2017). E outra é o Wolf-Psort que realiza a predição de proteínas de eucariotos e faz parte do método PSORT (*Protein Subcellular Localization Prediction Tool*), um recurso com diversas ferramentas integradas que facilitam a localização subcelular (Kumar; Dhanda, 2020).

Na bioinformática podem ser utilizadas ferramentas para a construção de árvores filogenéticas, que são utilizadas para inferir as relações entre genes ou espécies. Para isso,

podem ser realizadas análises de similaridade entre características de genes ou fragmentos de DNA (Damião, 2019). Como ferramentas utilizadas na análise filogenética, tem-se o MAFFT (*Multiple Alignment using Fast Fourier Transform*), um servidor *online* usado para realizar e computar o alinhamento de múltiplas sequências (Katoh; Rozewicki; Yamada, 2019). O IQ-TREE, um algoritmo utilizado para inferir relações filogenéticas por meio do método de máxima verossimilhança, e que apresenta um alto desempenho na busca por árvores filogenéticas com a melhor aproximação de *bootstrap* de forma instantânea (Minh *et al.*, 2020). E o *software* FigTree que possibilita a visualização e a manipulação de árvores filogenéticas (Jovanovic; Mikheyev, 2019).

Com isso, observa-se que a bioinformática é uma área complexa implicando em diversos aspectos. Essa área inclui a organização dos dados biológicos, para possibilitar o acesso às informações já existentes e permitir a inclusão de novas informações pelos pesquisadores à medida que são desenvolvidos novos estudos, assim como o desenvolvimento de ferramentas e a compreensão de como estes recursos podem ser utilizados na análise e interpretação dos dados biológicos gerados (Gallardo, 2017).

### **2.3 Feijão comum (*P. vulgaris*)**

O feijão comum pertence à família Fabaceae (Leguminosae) e é um dos alimentos mais consumidos pela população mundial (Figura 4) (Santos, 2020; Tigist, 2020). Essa espécie também desempenha um papel importante na promoção da segurança alimentar, além de potencialmente atuar na prevenção e tratamento de doenças relacionadas à alimentação, tais como colesterol, diabetes e doenças cardiovasculares (Carbas *et al.*, 2020; Peddio *et al.* 2022).

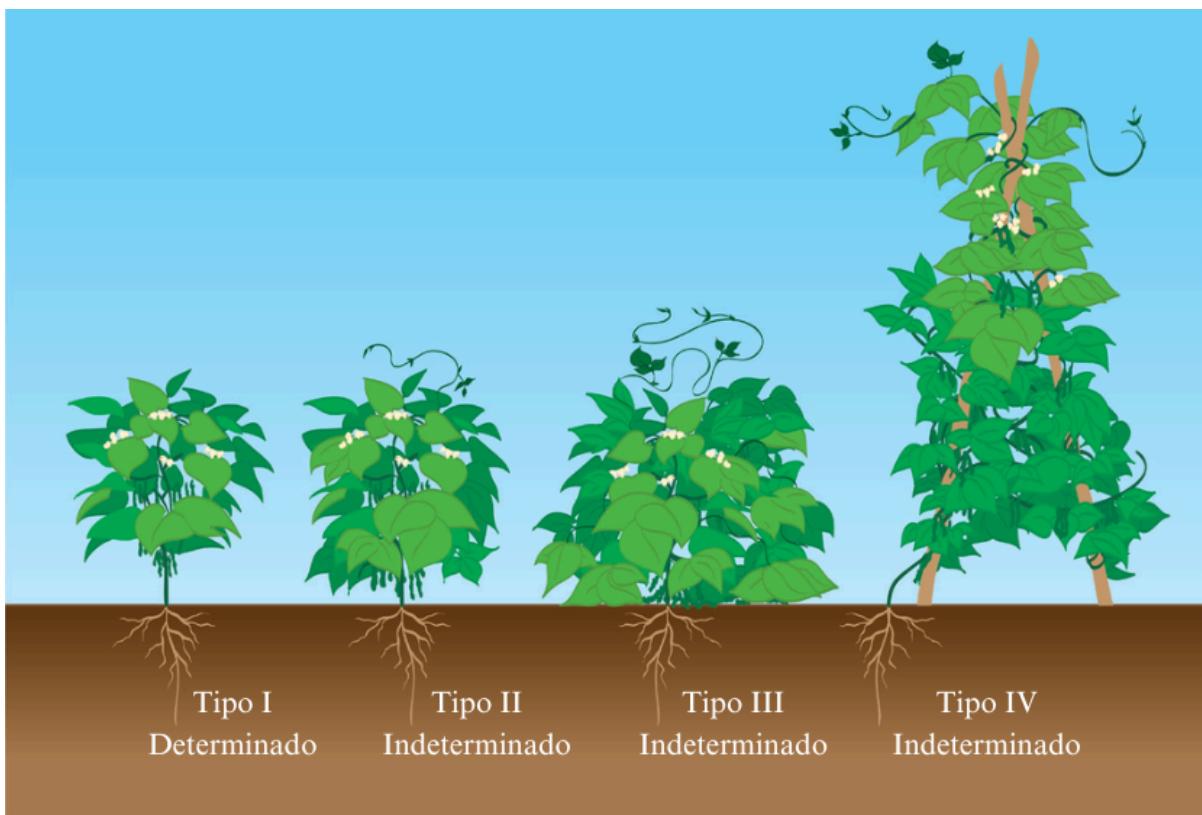
**Figura 4** - Plantação de feijão comum.



Fonte: Oliveira *et al.*, 2018.

O feijão comum é uma planta com ciclo de vida anual, herbácea, diplóide ( $2n = 22$  cromossomos), autógama (realiza autofecundação) e conta com mecanismo fotossintético C3 (Carbonell; Chiorato; Bezerra, 2021; Plestenjak *et al.*, 2024). Além disso, apresenta hábitos de crescimento determinado, caracterizado por uma inflorescência no ápice do caule principal, ou indeterminado, onde continua emitindo nós e alongando o meristema terminal do caule principal (Figura 5) (Costa, 2023; Plestenjak *et al.*, 2024). Esses hábitos de crescimento, são classificados de acordo com os tipos de porte em: tipo I, II, III e IV. No tipo I A planta apresenta hábito de crescimento determinado, arbustivo e porte ereto; no tipo II hábito de crescimento indeterminado, arbustivo, porte ereto e caule pouco ramificado; no tipo III hábito de crescimento indeterminado, porte semiprostrado, com ramificação aberta; e por fim, no tipo IV o hábito de crescimento é indeterminado e a planta é trepadora ou enredadeira (Carbonell; Chiorato; Bezerra, 2021; Costa, 2023).

**Figura 5** - Hábitos de crescimento em feijão comum.



Fonte: Adaptado de Oliveira *et al.*, 2018.

O feijão comum, teve origem entre 4 e 6 milhões de anos atrás na Mesoamérica (México e América Central) (Bellucci *et al.*, 2014; Ferreira, 2008). Suas formas selvagens são distribuídas do México à Argentina e são caracterizadas por três *pools* gênicos: mesoamericano, andino e peruano-equatoriano (Plestenjak *et al.*, 2024). Após a formação desses *pools* gênicos, ocorreu a domesticação, mas apenas nas regiões Andinas e na Mesoamérica (Vlasova *et al.*, 2016). A domesticação do feijão comum levou a uma redução na diversidade genética e na expressão gênica. Uma maior redução ocorreu no *pool* gênico mesoamericano do que no *pool* gênico da região andina (Plestenjak *et al.*, 2024).

No Brasil, há uma predominância do feijão comum de origem mesoamericana (Carbonell; Chiorato; Bezerra, 2021). Ele é plantado em três safras anuais, a 1<sup>a</sup> safra ou “safra das águas” ocorre entre os meses de agosto a novembro, a 2<sup>a</sup> safra ou “safra da seca”, é plantada normalmente, de dezembro a abril e a 3<sup>a</sup> safra, também conhecida como “safra de inverno” ou “safra irrigada”, ocorre entre os meses de abril a julho (Silva; Wander, 2013). Durante a 1<sup>a</sup> safra as três regiões geográficas do Brasil com maior produção, respectivamente, são as Regiões Sul, Sudeste e Centro-Oeste, na 2<sup>a</sup> safra as três regiões com maior produção são as mesmas da 1<sup>a</sup> safra, e no período da 3<sup>a</sup> safra as três regiões que mais produzem feijão

comum, são as Regiões Sudeste, Centro-Oeste e Nordeste, porém, a produção da Região Nordeste ainda é mínima, sendo realizada majoritariamente no estado da Bahia (Silva; Wander, 2013). No Brasil os maiores produtores de feijão comum são Paraná, Minas Gerais, Goiás, Mato Grosso e São Paulo, respectivamente (Wander; Silva, 2023).

O feijão comum faz parte da cultura alimentar dos brasileiros, visto que o Brasil é o segundo maior produtor de feijão no mundo, ficando atrás apenas da Índia (Coêlho, 2023; Sousa; Ferreira, 2021). De modo geral, a Região Nordeste apresenta baixa produtividade de feijão comum, ficando em 4º lugar no cenário nacional, e sendo produzido, predominantemente, por pequenos proprietários e em sistema de sequeiro (Sousa; Ferreira, 2021). Nesse sentido, o feijão comum apresenta extrema importância socioeconômica para a população brasileira.

Entretanto, essa cultura tem sua produção limitada por estresses bióticos e abióticos, principalmente na região nordeste. Os estresses bióticos são causados por insetos (*Chrysodeixis includens*), nematóides (*Pratylenchus brachyurus*), fungos (*Sclerotium rolfsii*), bactérias (*Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*) e vírus (*Bean Golden Mosaic Virus, BGMV*). Os estresses abióticos, geralmente, são causados por altas temperaturas, deficiência hídrica, baixa fertilidade, alta toxicidade, baixo pH e alta salinidade no solo (Oliveira *et al.*, 2018; Tene *et al.*, 2023). Dentre os fatores adversos, o calor e a seca afetam negativamente o crescimento e desenvolvimento das plantas, importantes vias fisiológicas e bioquímicas (Losa *et al.*, 2022; Tene *et al.*, 2023).

Dessa forma, alguns dos estresses que mais atrapalham o cultivo de feijão comum na região nordeste são as altas temperaturas e a deficiência hídrica, uma vez que temperaturas acima de 30°C durante o dia ou temperaturas noturnas superiores a 20 °C e o déficit hídrico resultam na redução da produção e da qualidade dos grãos (Assefa *et al.*, 2019; Losa *et al.*, 2022). Com isso, algumas empresas, como a Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA), desenvolvem programas de melhoramento genético com o objetivo de produzir novas cultivares cada vez mais resistentes a esses estresses, com maior valor nutricional, além de possuírem características atraentes aos consumidores, como cor, forma, tamanho, brilho e qualidade culinária dos grãos (Pacheco, 2022; Souza *et al.*, 2013).

### 3 METODOLOGIA

#### 3.1 Identificação e caracterização dos ABC *transporters* em *P. vulgaris*

A identificação dos ABC *transporters* em feijão comum foi realizada na plataforma do NCBI {Protein BLAST: search protein databases using a protein query (nih.gov)} via BLASTp (*e-value* < 1e-10) a partir de um conjunto de 137 sequências proteicas AtABC (ABC *transporters* de *A. thaliana*) recuperadas dos bancos de dados TransportDB (TransportDB 2.0 (membranetransport.org)) e TAIR (<https://www.arabidopsis.org/>). Subsequentemente, as sequências peptídicas recuperadas das análises de similaridade foram submetidas ao Hmmscan (<https://www.ebi.ac.uk/Tools/hmmer/search/hmmscan>) e InterProScan (<https://www.ebi.ac.uk/interpro/search/sequence-search>) para confirmação dos domínios proteicos.

A nomeação dos genes ABC identificados em *P. vulgaris* (PvABC) foi de acordo com os membros representantes de cada subfamília de ABC *transporters* (ABCA, ABCB, ABCC, ABCD, ABCF, ABCG e ABCI) e de acordo com a localização cromossômica. A vizualização das estruturas éxon-ítron desses genes ocorreu via ferramenta GSDS (*Gene Structure Display Server database* - <http://gsds.cbi.pku.edu.cn/>). A caracterização das sequências peptídicas englobou a determinação do peso molecular e do ponto isoelétrico via ExPASy (<https://www.expasy.org/>), a predição das hélices transmembranas no TMHMM ([www.cbs.dtu.dk/services/TMHMM/](http://www.cbs.dtu.dk/services/TMHMM/)), e dos motivos conservados no programa MEME ([https://meme-suite.org/meme/](http://meme-suite.org/meme/)). A localização subcelular das proteínas foram determinadas pelos programas DeepLoc (<https://services.healthtech.dtu.dk/services/DeepLoc-2.0/>) e Wolf PSORT (<https://wolfpsort.hgc.jp/>). Para essas análises foram utilizados os parâmetros *default*, ou seja, pré definidos pelos programas.

#### 3.2 Mapeamento *in silico* e inferência funcional

O mapeamento *in silico* dos genes PvABC foi obtido via TBtools. As inferências funcionais das subfamílias foram realizadas através de análises filogenéticas executadas com 124 sequências peptídicas dos ABC *transporters* de *A. thaliana* juntamente com as 164 sequências de *P. vulgaris* identificados neste trabalho, foram utilizadas apenas as proteínas representativas do *locus*. Com base nas relações filogenéticas com AtABCs, que recebem essa nomeação de acordo com o sistema HUGO (*Human Genome Organization*), a família PvABC foi dividida em 7 subfamílias, PvABCA, PvABCB, PvABCC, PvABCD, PvABCF, PvABCG e PvABCI. Porém algumas proteínas de *A. thaliana* não estavam anotadas nos bancos de

dados conforme o sistema HUGO, então, baseando-se na perspectiva do ramo filogenético, 3 proteínas de *P. vulgaris* foram nomeadas de acordo com o Sistema *Arabidopsis thaliana* (Sánchez-Fernández) em PvALS, PvENF e PvNAP (Verrier *et al.*, 2008). Inicialmente foi realizado o alinhamento das proteínas PvABC e AtABC no *software* MAFFT (<https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/mafft/>), e em seguida a árvore filogenética foi obtida pelo *software* IQTree (<http://iqtree.cibiv.univie.ac.at/>) com método de máxima verossimilhança com robustez de 10.000 réplicas não paramétricas de *bootstrap* (Ultrafast).

### **3.3 Isolamento da região promotora**

As regiões promotoras de todos os genes ABC *transporters* do *P. vulgaris* foram extraídas de um arquivo GFF, através da função '*GXF Sequences Extract*' no *software* TBtools considerando 1.500 bp *upstream* do códon de início.

### **3.4 Identificação dos elementos *cis*-regulatórios**

As sequências promotoras correspondentes aos genes ABC *transporters*, das subfamílias A, B, C, D, F, G e I foram submetidas ao site PlantCARE (<http://bioinformatics.psb.ugent.be/webtools/plantcare/html/>) (Lescot *et al.*, 2002) para prever diferentes tipos de elementos *cis*-regulatórios. Os resultados obtidos da análise no PlantCARE foram agrupados, com base na sua anotação funcional, em três categorias: elementos responsivos a estresses, elementos responsivos a hormônios e elementos responsivos à luz. Os elementos *cis*-regulatórios com anotação funcional indisponível foram retirados dessa classificação.

## 4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1 Identificação dos membros da família gênica ABC *transporters* em *P. vulgaris*

Um total de 188 sequências proteicas como possíveis PvABC foram identificadas por meio do BLASTp (e-value <e-10). Desse total, 8 sequências não tinham domínios para ABC *transporters*. Assim, identificou-se 180 proteínas com domínios para ABC *transporters* codificadas por 164 genes de *P. vulgaris*, sendo que um desses genes é mitocondrial (PvABCI162) (Apêndice A e Tabela 1).

A proteína PvABCI162 não possui domínio ABC *transporter*, mas tem um domínio CcmC. Indicando essa proteína como parte de um complexo CcmABCD que constitui um ABC *transporter* especializado na translocação de heme para a maturação do citocromo C (Li *et al.*, 2022; Xu *et al.*, 2025). Além disso, essa proteína apresenta alta similaridade com a proteína AtABCI5 que também não possui o domínio ABC *transporter*, mas tem o domínio CcmC (Lin *et al.*, 1999).

**Tabela 1** - Caracterização dos genes e proteínas ABC em *P. vulgaris*. Em (a) está representada a localização cromossômica, (b) quantidade de aminoácidos, em (c) o peso molecular, (d) o ponto isoelétrico e em (e) a quantidade de hélices transmembrana.

(continua)

Nome	Cr. <sup>a</sup>	CDS	aa <sup>b</sup>	P.M (Da) <sup>c</sup>	p.I <sup>d</sup>	TMH <sup>e</sup>	Localização subcelular
PvABCB1	1	3744	1247	135,4	6,5	11	Plas
PvABCG2	1	4341	1446	163,5	8,4	13	Plas
PvABCG3.1	1	3825	1274	144	6,8	13	Plas
PvABCG3.2	1	4299	1450	164,4	7,2	13	Plas
PvABCI4	1	816	271	30,2	9,6	–	Clor/mito
PvABCG5	1	252	83	8,9	8,9	–	Plas/clor
PvABCG6	1	1869	622	70	8,9	7	Plas/RE
PvABCG7	1	1740	579	65,7	8,2	6	Plas
PvABCA8	1	945	314	34,6	6	–	Citop
PvABCA9	1	2712	903	100,4	6,4	8	Vacú/Golgi/plas
PvABCA10	1	1899	632	71,3	6,2	6	Vacú
PvABCC11	1	4617	1538	171,2	7	14	Plas/vacú
PvABCG12	1	4371	1456	163,8	8,9	13	Plas
PvABCG13	1	4332	1443	163,5	8	13	Plas
PvABCG14	1	1431	476	54,2	7	3	Plas/citop
PvABCG15	1	2694	897	101,3	8,9	6	Plas
PvABCG16	1	3975	1324	149,8	7,3	11	Plas
PvABCG17	1	474	157	18,2	9,1	4	Plas/vacú/clor
PvABCG18.1	1	1482	493	56,6	8,4	4	Plas
PvABCG18.2	1	1494	497	57	8,4	4	Plas
PvABCG18.3	1	1515	504	57,8	8,4	4	Plas
PvABCG18.4	1	1866	621	71	8	4	Plas

**Tabela 1** - Caracterização dos genes e proteínas ABC em *P. vulgaris*. Em (a) está representada a localização cromossômica, (b) quantidade de aminoácidos, em (c) o peso molecular, (d) o ponto isoelétrico e em (e) a quantidade de hélices transmembrana.

(continuação)

Nome	Cr. <sup>a</sup>	CDS	aa <sup>b</sup>	P.M (Da) <sup>c</sup>	p.I <sup>d</sup>	TMH <sup>e</sup>	Localização subcelular
PvABCG19	1	4311	1436	162,4	8,6	11	Plas
PvABCG20	1	3267	1088	123,8	8,5	11	Plas
PvABCG21	1	4299	1432	162,3	8,3	13	Plas
PvABCG22	1	2232	743	82,2	9,1	7	Plas/vacú
PvALS23	1	852	283	30,7	9,2	7	Vacú/plas
PvABCB24	1	4017	1338	146,5	7,6	12	Plas/vacú
PvABCG25	1	4329	1442	163,7	7,5	13	Plas
PvABCG26	1	4260	1419	160,7	8,6	13	Plas
PvABCG27	1	4359	1452	164,9	6,3	13	Plas
PvABCG28.1	1	1677	558	62,6	8,9	6	Plas/vacú
PvABCG28.2	1	2211	736	81,4	8,7	6	Plas/vacú
PvABCC29	1	3573	1190	133,7	6,6	10	Plas/vacú
PvABCC30	1	4524	1507	169,5	7,1	15	Plas/vacú
PvABCB31	1	3849	1282	139,2	8,8	10	Plas
PvABCD32	1	3999	1332	149,7	9,1	—	Mito/pero
PvABCB33	1	3765	1254	138	8,8	11	Plas
PvABCI34	2	1401	466	51,2	6,9	—	Clor
PvABCG35	2	1977	658	73,9	8,8	6	Plas
PvABCF36	2	1821	606	68,2	8	—	Citop
PvABCB37	2	3738	1245	136,2	9	10	Plas
PvABCG38.1	2	2181	726	81,6	9	6	Plas/vacú
PvABCG38.2	2	1710	569	64,7	8,7	6	Plas/RE/vacú
PvABCB39	2	2175	724	80,9	8,6	4	Plas/clor
PvABCC40.1	2	3936	1311	147,4	6,5	15	Plas/vacú
PvABCC40.2	2	4326	1441	161,9	6,5	16	Plas/vacú
PvABCG41	2	1977	658	73,1	8,9	6	Plas/RE
PvABCG42	2	2076	691	76,5	7,5	6	Plas/vacú
PvABCG43	2	1995	664	73,4	8,7	6	Plas
PvABCG44	2	1890	629	69,4	8,2	6	Plas/RE/vacú
PvABCG45	2	1995	664	74	8,4	6	Plas
PvABCB46	2	3750	1249	135	8,3	11	Plas
PvABCB47	2	3594	1197	130	7,6	10	Plas
PvABCD48	2	2328	775	86,9	9,2	—	Mito/plas
PvABCD49	2	1767	588	66,3	8,4	1	Mito/pero
PvABCG50	2	1941	646	72,5	6,6	5	Plas/vacú
PvABCI51	2	879	292	32	5,7	—	Clor
PvABCI52	2	774	257	28,1	5,8	—	Citop
PvABCG53	2	2442	813	91,4	9,1	6	Plas/vacú
PvABCG54	3	2016	671	74,9	8,7	6	Plas
PvABCG55	3	4320	1439	162,7	7,9	11	Plas
PvABCG56	3	4353	1450	163,9	7,5	13	Plas
PvABCB57	3	3825	1274	137,5	6,1	9	Plas
PvABCB58	3	5838	1945	210,1	6,9	13	Plas
PvABCB59	3	3909	1302	141,2	6,8	11	Plas

**Tabela 1** - Caracterização dos genes e proteínas ABC em *P. vulgaris*. Em (a) está representada a localização cromossômica, (b) quantidade de aminoácidos, em (c) o peso molecular, (d) o ponto isoelétrico e em (e) a quantidade de hélices transmembrana.

(continuação)

Nome	Cr. <sup>a</sup>	CDS	aa <sup>b</sup>	P.M (Da) <sup>c</sup>	p.I <sup>d</sup>	TMH <sup>e</sup>	Localização subcelular
PvABCB60	3	3783	1260	136,9	6,3	9	Plas
PvABCI61.1	3	528	175	20,1	8	–	Citop/nucl
PvABCI61.2	3	687	228	25,8	9,8	–	Citop/nucl/mito
PvABCG62.1	3	4056	1351	153,9	8,6	11	Plas
PvABCG62.2	3	4257	1418	161,7	8,7	12	Plas
PvABCI63	3	1617	538	60,2	7	–	Clor
PvABCB64	3	1899	632	68,4	8,7	5	Plas/vacú
PvABCA65	3	2847	948	106,2	8,7	7	Plas/vacú
PvENF66	3	1677	558	61,6	8,9	–	Clor
PvABCG67	3	1947	648	72,6	9	6	Plas
PvABCB68	3	3708	1235	135,6	8,1	10	Plas/vacú
PvABCB69	4	3708	1235	133,8	8,1	8	Plas
PvABCB70	4	3750	1249	135,9	8,3	10	Plas
PvABCC71	4	4446	1481	167,2	8,2	12	Plas/vacú
PvABCC72	4	4434	1477	166,9	8,4	12	Plas/vacú
PvABCB73	4	2112	703	76,9	8,8	5	Plas/clor
PvABCG74	4	2112	703	78,3	8,7	6	Plas/vacú
PvABCB75	4	3735	1244	136,3	9	9	Plas
PvABCC76	5	4848	1615	181,1	6,8	14	Plas/vacú
PvABCC77	5	822	273	31,1	8,9	2	Plas/vacú
PvABCD78	5	1911	636	71,6	5,9	4	RE/plas
PvABCD79	5	2265	754	84,7	5,7	4	Clor
PvABCG80	5	1683	560	62,4	9,1	6	Plas/RE
PvABCG81	5	1875	624	69,6	8,6	7	Plas/vacú
PvABCF82	5	1788	595	66,7	6,2	–	Citop
PvABCG83	5	2175	724	80,5	8,8	6	Plas/RE
PvABCG84	5	4431	1476	167,4	7,8	13	Plas
PvABCG85	5	4293	1430	161,6	6,8	13	Plas
PvABCG86	5	4278	1425	160,5	7	13	Plas
PvABCC87	5	4488	1495	167,4	6,5	14	Vacú/nucl
PvABCF88	6	2139	712	79,4	5,9	–	Citop
PvABCG89.1	6	1398	465	51,8	6,7	–	RE/nucl
PvABCG89.2	6	1407	468	52,4	7,3	–	RE/nucl
PvABCI90	6	1149	382	41,8	7,6	1	Clor
PvABCC91	6	3921	1306	145,7	6,3	9	Plas/vacú
PvABCC92	6	3915	1304	145,1	6,1	9	Plas/vacú
PvABCC93.1	6	4437	1478	164,7	6	14	Plas/vacú
PvABCC93.2	6	4515	1504	167,7	6,2	14	Plas/vacú
PvABCG95.1	6	3771	1253	140,6	6,9	14	Plas/vacú
PvABCG94	6	549	182	20,2	7,9	–	Plas/citop
PvABCG95.2	6	3456	1151	129	7,2	14	Plas/vacú
PvABCI96	6	1131	376	41,6	10	7	Clor
PvABCC97	6	4860	1619	181,4	6,2	14	Plas/vacú
PvABCF98	6	2172	723	80,4	5,7	–	Citop

**Tabela 1** - Caracterização dos genes e proteínas ABC em *P. vulgaris*. Em (a) está representada a localização cromossômica, (b) quantidade de aminoácidos, em (c) o peso molecular, (d) o ponto isoelétrico e em (e) a quantidade de hélices transmembrana.

(continuação)

Nome	Cr. <sup>a</sup>	CDS	aa <sup>b</sup>	P.M (Da) <sup>c</sup>	p.I <sup>d</sup>	TMH <sup>e</sup>	Localização subcelular
PvABCG99	7	2274	757	83,5	8,9	7	Plas/vacú
PvABCB100	7	4200	1399	155,4	6,2	13	Plas
PvABCG101	7	1878	625	67,9	8,8	4	Clor/RE/plas
PvABCG102.1	7	1314	437	47,6	9,5	—	RE/clor
PvABCG102.2	7	1827	608	67,6	9,4	7	Plas/RE/vacú
PvABCC103	7	4446	1481	165,8	7,5	12	Plas/vacú
PvABCC104	7	4437	1478	165,9	7	14	Plas/vacú
PvABCG105	7	1977	658	72,7	9,5	6	Plas
PvABCG106	7	2604	867	96,2	9,1	2	Plas
PvABCG107	7	2046	681	75,8	8,6	6	Plas/vacú
PvABCG108	7	4410	1469	166,1	7	13	Plas
PvABCI109	7	1071	356	38,3	9,2	3	Clor/plas
PvABCC110	7	4503	1500	168,1	7,7	16	Plas/vacú
PvABCB111	7	4035	1344	147,2	8,1	12	Plas/vacú
PvNAP112	7	3291	1096	122,3	8,8	5	Plas/vacú
PvABCC113	7	4542	1513	168,9	6,7	14	Plas/vacú
PvABCI114	7	891	296	33,2	5,6	—	Citop/nucl
PvABCI115	7	1002	333	36,9	9,1	—	Citop
PvABCB116	7	3843	1280	138,1	8	10	Plas
PvABCB117	7	3540	1179	128,5	7,1	7	Plas
PvABCG118	7	3357	1118	125,1	9	5	Plas
PvABCG119	7	4509	1502	170,7	6,1	15	Plas
PvABCG120	7	2238	745	82,4	8,7	6	Plas/vacú
PvABCB121	8	4212	1403	155,5	6,2	13	Plas
PvABCI122	8	1038	345	37,7	8,3	—	Clor
PvABCG123.1	8	2052	683	77,4	9	6	Plas
PvABCG123.2	8	1608	535	60,9	9,1	6	Plas
PvABCB124	8	3774	1257	137	8,7	11	Plas
PvABCC125	8	4470	1489	166,4	6,1	14	Plas/vacú
PvABCB126	8	1158	385	42,8	9,3	1	Clor/mito
PvABCB127	8	687	228	25,7	5,8	—	Citop/citoe
PvABCC128	8	4548	1515	169,4	6,5	14	Plas/vacú
PvABCC129	8	4497	1498	167,2	5,8	14	Plas/vacú
PvABCI130	8	1155	384	42,1	8,9	1	Clor
PvABCB131	8	2241	746	81,2	9,4	6	Mito/clor
PvABCG132.1	8	4308	1435	160,5	8,9	13	Plas
PvABCG132.2	8	3267	1088	121,5	9	6	Plas/RE
PvABCC133	8	2529	842	94,1	6,5	10	Plas/vacú
PvABCC134	8	219	72	7,9	6,7	—	Citop/mito
PvABCG135	8	2061	686	78	8,3	6	Plas/vacú
PvABCB136	9	3579	1192	130,6	8,5	10	Plas/vacú
PvABCG137	9	4350	1449	164	6,6	13	Plas
PvABCF138	9	2106	701	78,6	5,9	—	Clor/citop
PvABCI139	9	879	292	31,8	6,2	—	Pero

**Tabela 1** - Caracterização dos genes e proteínas ABC em *P. vulgaris*. Em (a) está representada a localização cromossômica, (b) quantidade de aminoácidos, em (c) o peso molecular, (d) o ponto isoelétrico e em (e) a quantidade de hélices transmembrana.

Nome	Cr. <sup>a</sup>	CDS	aa <sup>b</sup>	P.M (Da) <sup>c</sup>	p.I <sup>d</sup>	TMH <sup>e</sup>	(conclusão)
							Localização subcelular
PvABCG140	9	1935	644	72,3	9,1	5	Plas/vacú
PvABCA141	9	2841	946	105,6	6,8	7	Plas/vacú
PvABCA142	9	2907	968	107,3	8	6	Plas/vacú
PvABCC143	9	4554	1517	169,5	6,9	17	Plas/vacú
PvABCB144	10	3558	1185	127,9	6,6	10	Plas
PvABCC145	10	4545	1514	169,6	6,5	15	Plas/vacú
PvABCB146	10	1146	381	42	9,3	2	Plas
PvABCB147	10	3084	1027	112,9	6,4	8	Plas/vacú
PvABCC148	10	3987	1328	148	6,6	10	Plas/vacú
PvABCC149	10	2088	695	77,2	5,9	5	Plas/vacú
PvABCC150	10	453	150	16,9	9,8	2	Vacú
PvABCC151	10	2400	799	88,9	5,7	6	Plas/vacú
PvABCC152	10	4200	1399	155,8	7,9	11	Plas/vacú
PvABCG153	10	4461	1486	167,9	7,5	13	Plas
PvABCG154	10	4302	1433	162	8,1	13	Plas
PvABCG155	11	2067	688	77,2	9,1	7	Plas/RE/vacú
PvABCG156	11	2046	681	76,3	9,3	6	Plas
PvABCG157	11	2091	696	77,4	9	6	Plas
PvABCG158	11	3306	1101	121,6	9	7	Plas/vacú
PvABCF159.1	11	1416	471	53,6	5,7	–	Citop
PvABCF159.2	11	1788	595	66,5	6,3	–	Citop
PvABCB160	11	3747	1248	137	8,7	7	Plas
PvABCG161	11	1884	627	69,9	9	7	Plas
PvABCI162	..	741	246	27,3	11	4	Plas/RE
PvABCC163	1	4617	1538	171,2	7	14	Plas/vacú
PvABCG164	...	1245	414	45,9	6,3	–	Plas/RE/citop

Fonte: A autora, 2024.

Nota: Sinal convencional utilizado:

- Dado numérico igual a zero não resultante de arredondamento.
- .. Não se aplica dado numérico.
- ... Dado numérico não disponível.

O tamanho das proteínas oscilou entre 72 (PvABCC134) e 1.945 aa (PvABCB58). O ponto isoelétrico variou entre 5,6 (PvABCI114) a 11 (PvABCI162), e o peso molecular oscilou entre 7,9 (PvABCC134) e 210,1 kDa (PvABCB58) (Tabela 1). Esses resultados indicam uma grande variação entre as proteínas PvABC, assim como ocorre entre os ABC *transporters* de soja e algumas espécies de Rosaceae (Feng *et al.*, 2019; Mishra *et al.*, 2019).

## 4.2 Predição transmembrana e localização subcelular

A predição de hélices transmembranas revelou a presença de 0 a 17 hélices transmembranares, sendo mais comum 06 hélices, estando presente em 31 (17,2%) das proteínas PvABC (Tabela 1). Esses dados estão de acordo com a literatura, onde a maioria das proteínas ABC *transporters* possuem entre 4 a 6 hélices transmembranas (Naaz; Ahmad; Qureshi, 2023).

As proteínas PvABC foram preditas na membrana plasmática (Plas), no vacúolo (Vacú), no cloroplasto (Clor), no retículo endoplasmático (RE), no citoplasma (Citop), na mitocôndria (Mito), no núcleo (Nucl), no complexo de Golgi (Golgi), no citoesqueleto (Citoe) e no peroxissomo (Pero), e a maioria das proteínas foram inferidas na membrana plasmática (73,3%) (Tabela 1). Algumas proteínas, pertencentes principalmente à subfamília PvABCC, foram preditas na membrana do vacúolo (33,3%) (Tabela 1) e possivelmente desempenham a função de armazenar substâncias tóxicas nessa organela (Do *et al.*, 2021). A predição da localização subcelular é importante pois a função fisiológica de uma determinada proteína está relacionada com a organela ou compartimento em que está localizada (Armenteros *et al.*, 2017).

## 4.3 Estrutura gênica e motivos conservados da família PvABC

O número de exons e íntrons variou, respectivamente, entre 01 – 36 e 0 – 35. O gene PvABCC87 apresentou o maior número de exons e íntrons, 36 e 35 respectivamente (Tabela 1). Ao todo, 12 genes, distribuídos nas subfamílias PvABCC, PvABCF, PvABCG e PvABCI, não apresentaram íntron (Apêndice B). De modo geral, o padrão da estrutura exon-ítron variou dentro e entre as diferentes subfamílias, resultados semelhantes foram encontrados em soja (*G. max*) (Mishra *et al.*, 2019).

A partir da análise no MEME, foram identificados motivos conservados em 166 (92,2%) das 180 proteínas, algumas proteínas não tiveram nenhum desses motivos conservados. Identificou-se no total 10 motivos conservados, alternando de 01 a 08 por proteína PvABC (Apêndice C). O tamanho dos motivos variou entre 21 (motivo 02) e 50 aminoácidos (motivos 05 e 07) (Figura 6). Essa análise pode ser útil na identificação funcional de regiões das proteínas (Lu *et al.*, 2016).

O motivo 01 foi o mais conservado estando presente em 157 (87,2%) proteínas PvABC (Apêndice C). A subfamília PvABCA apresentou os motivos 01, 02 e 06 (Apêndice C). Para as subfamílias PvABCB e PvABCC foram identificados os motivos 01, 02, 04, 05 e 07, o motivo 07 foi encontrado somente nessas subfamílias (Apêndice C). Nas subfamílias

PvABCD e PvABCF foram preditos os motivos 01, 02 e 04 (Apêndice C). As proteínas da subfamília PvABCG tiveram a maior ocorrência de motivos conservados (08), com os motivos 01, 02, 03, 04, 06, 08, 09 e 10 (Apêndice C). Os motivos 03, 08, 09 e 10 foram exclusivos da subfamília PvABCG (Apêndice C). Na subfamília PvABCI foram inferidos os motivos 01, 02 e 05 (Apêndice C). Isso indica que a disposição dos motivos conservados variou dentro e entre as diferentes subfamílias PvABC.

**Figura 6** - Sequências consenso das proteínas PvABC.

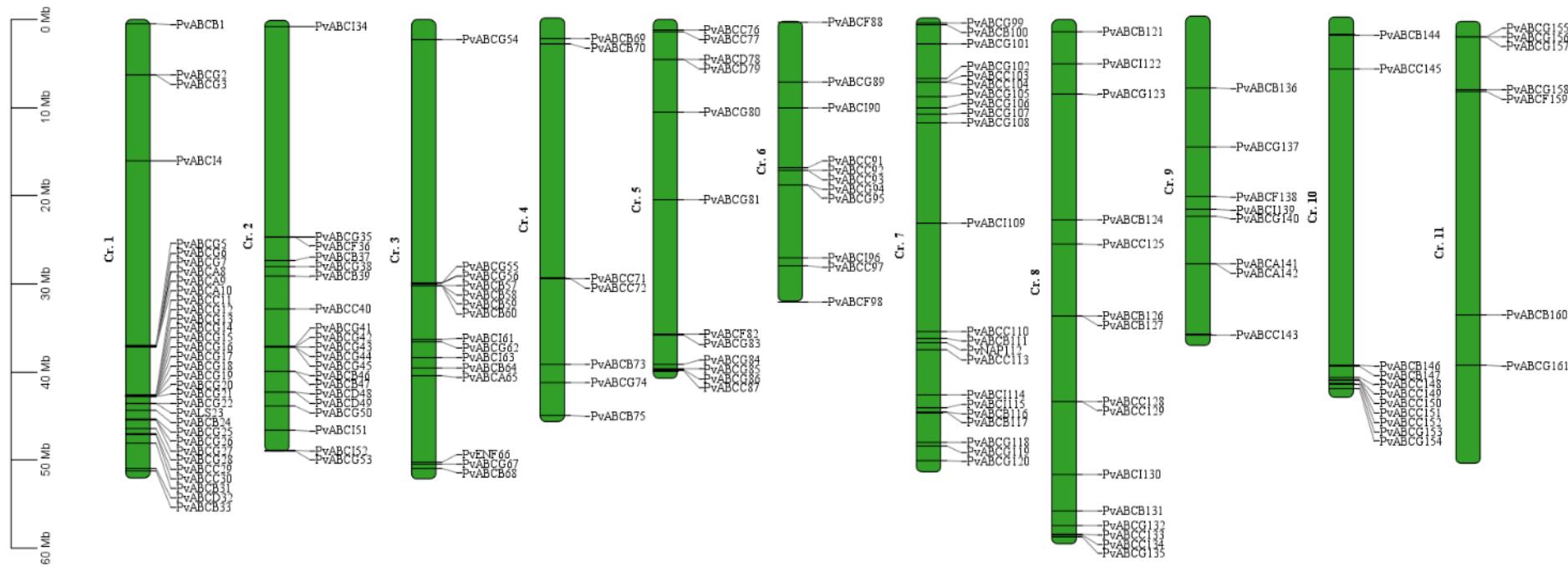


Fonte: A autora, 2023.

#### 4.4 Distribuição cromossômica e análises filogenéticas de PvABC *transporters*

A distribuição cromossômica de 161 genes ABC *transporters* ocorreu nos 11 cromossomos de *P. vulgaris* (Tabela 1). Não foram identificadas a localização cromossômica para três sequências gênicas pois uma delas (PvABCI162) pertence ao genoma mitocondrial e para duas sequências não foi possível identificar o *locus* (PvABCC163 e PvABCG164), pois eles não estavam incluídos no banco de dados RefSeq, apenas no GenBank. O cromossomo 01 teve o maior número de genes mapeados (38) e os cromossomos 04 e 11 tiveram o menor número, com 07 genes PvABC em cada cromossomo (Figura 7).

**Figura 7 – Mapa cromossômico dos genes PvABC.**

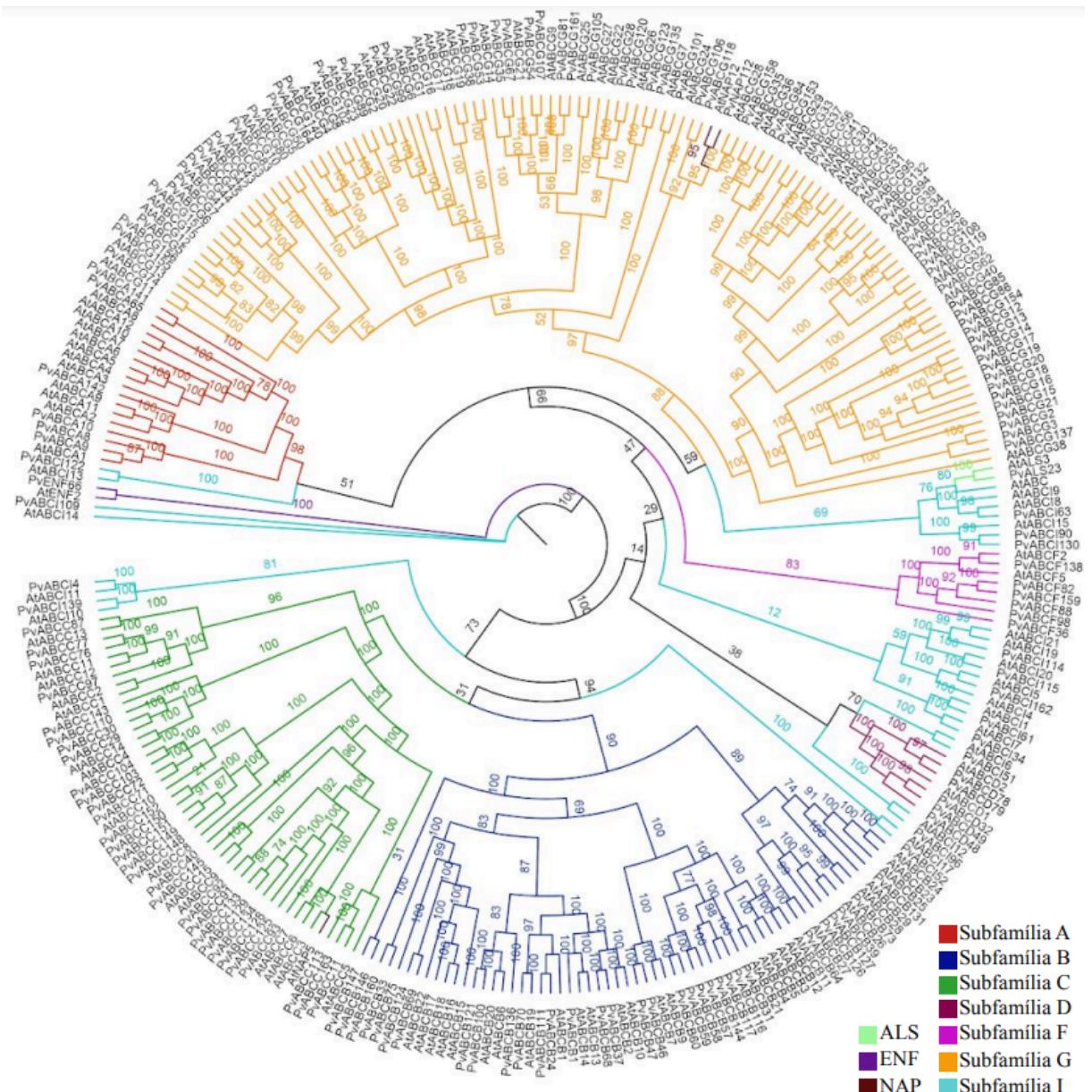


Fonte: A autora, 2023.

A partir da análise filogenética, os membros da família PvABC *transporters* foram distribuídos em 07 subfamílias, PvABCA (06), PvABCB (32), PvABCC (32), PvABCD (05), PvABCF (07), PvABCG (80) e PvABCI (18). Além disso, foram identificadas três proteínas (PvALS23, PvENF66 e PvNAP112) que não estavam incluídas nesses grupos (Figura 8).

As subfamílias ABCG, ABCB e ABCC foram os grupos mais prevalentes, com 80, 32 e 32 proteínas, respectivamente, enquanto a subfamília ABCD apresentou o menor número de membros (05 proteínas) (Figura 8).

**Figura 8** - Análise filogenética com as proteínas ABC *transporters* de *P. vulgaris* e *A. thaliana* realizada a partir dos softwares MAFFT e IQTree. As cores indicam cada uma das distintas subfamílias.



Fonte: A autora, 2023.

De modo geral, os dados filogenéticos mostram que os ABC *transporters* das duas espécies analisadas são similares e os resultados observados são semelhantes aos dados filogenéticos encontrados em diversos estudos em soja (*G. max*), *Prunus persica*, *Capsicum spp.* e *Hordeum vulgare* (Huang *et al.*, 2021; Mishra *et al.*, 2019; Sylvia *et al.*, 2023; Lopez-Ortiz *et al.*, 2019; Zhang *et al.*, 2020). Isso possibilita inferir os prováveis processos fisiológicos com que estão relacionados os genes PvABC<sub>A</sub>, PvABC<sub>B</sub>, PvABC<sub>C</sub>, PvABC<sub>D</sub>, PvABC<sub>F</sub>, PvABC<sub>G</sub> e PvABC<sub>I</sub>, recém identificados em feijão comum, a partir dos genes ABC já caracterizados em outras espécies.

Nas plantas, a função dos genes das subfamílias ABC<sub>A</sub> e ABC<sub>D</sub> é pouco descrita. Já os membros da subfamília ABC<sub>F</sub> possuem apenas NBDs, atuando como proteínas reguladoras em vez de transportadoras e participam de diversos processos, como regulação em resposta ao estresse, modulação do reparo de danos ao DNA e resposta de resistência ao ataque fúngico (Banasiak; Jasinski, 2022; Do *et al.*, 2021). A partir da análise filogenética é possível inferir que os membros da subfamília PvABC<sub>F</sub> estão relacionados a esses processos fisiológicos.

As proteínas da subfamília ABC<sub>B</sub> estão envolvidas principalmente no transporte de compostos orgânicos através da membrana plasmática (Sylvia *et al.*, 2023). Em *A. thaliana*, o gene AtABC<sub>B</sub>19 está envolvido no transporte de auxina (Do *et al.*, 2021). Em arroz (*O. sativa*), os genes OsABC<sub>B</sub>14, OsABC<sub>B</sub>23 e OsABC<sub>B</sub>27 estão relacionados ao transporte de metais pesados como ferro e alumínio (Feng; Bayaer; Qi, 2022). Portanto, com base nas análises filogenéticas as proteínas PvABC<sub>B</sub> podem estar atuando no transporte de fitormônios e metais pesados, e, desse modo, auxiliar na tolerância a estresses abióticos (Do *et al.*, 2021; Feng; Bayaer; Qi, 2022).

A subfamília ABC<sub>C</sub> funciona na regulação estomática, transporte vacuolar de compostos tóxicos, transporte de catabólito de clorofila, tolerância ao estresse de metais pesados e pode ter atuação na defesa contra fungos (Banasiak; Jasinski, 2022; Sylvia *et al.*, 2023). Alguns membros da subfamília ABC<sub>C</sub>, VvABC<sub>C</sub>1 (*Vitis vinifera*) e PpABC<sub>C</sub>1 (*P. persica*), estão envolvidos no acúmulo de antocianinas e em tomateiro o ABC<sub>C</sub>6 pode liberar compostos que repelem nematóides parasitas de plantas (Banasiak; Jasinski, 2022; Do *et al.*, 2021; Sylvia *et al.*, 2023). Desse modo, as proteínas pertencentes à subfamília PvABC<sub>C</sub> possivelmente atuam no transporte de compostos tóxicos para o vacúolo e na tolerância a estresses bióticos e abióticos (Banasiak; Jasinski, 2022; Do *et al.*, 2021; Sylvia *et al.*, 2023).

Os ABC<sub>G</sub> *transporters* atuam no transporte de fitohormônios, de compostos de revestimento de superfície, compostos relacionados ao redox, na resistência a metais pesados

e na defesa contra patógenos (Do *et al.*, 2021; Mishra *et al.*, 2019; Sylvia *et al.*, 2023). No arroz a superexpressão do gene OsABCG48 auxilia na tolerância ao cádmio, em *A. thaliana* o nocaute do gene AtABCG34 está relacionado ao acúmulo de cádmio nas raízes, e em plantas transgênicas a superexpressão do gene AtABCG36 contribui para a resistência à seca e ao sal (Cai *et al.*, 2021; Kim *et al.*, 2010). Além disso, os genes AtABCG25, AtABCG40 e AtABCG22 podem atuar na tolerância à seca ao participarem, respectivamente, do transporte do ABA e da regulação estomática (Gill *et al.*, 2021; Kuromori; Sugimoto; Shinozaki, 2011). Portanto, a análise filogenética sugere que as proteínas PvABCG atuam na tolerância a estresses bióticos e abióticos como a seca, o sal e metais pesados (Do *et al.*, 2021; Mishra *et al.*, 2019; Sylvia *et al.*, 2023).

A subfamília ABCI contém genes do tipo procarioto, possuindo papéis na resposta a citocinina, transporte de lipídeos e íons de metais para o cloroplasto e transporte de precursores de cera cuticular (Banasiak; Jasinski, 2022; Kim *et al.*, 2020; Lee *et al.*, 2021). Desse modo, as proteínas PvABCI possivelmente atuam na tolerância a metais pesados e ao estresse por calor e seca (Banasiak; Jasinski, 2022; Kim *et al.*, 2020; Lee *et al.*, 2021).

De acordo com análises filogenéticas e estudos realizados em diversas espécies de interesse socioeconômico, é possível inferir que as proteínas PvABC participam de diversos processos fisiológicos, transportando compostos que atuam na tolerância a estresses bióticos e abióticos (Banasiak; Jasinski, 2022; Do *et al.*, 2021; Mishra *et al.*, 2019; Sylvia *et al.*, 2023).

#### 4.5 Identificação e classificação dos elementos *cis*-regulatórios nos genes PvABC

Ao todo foram inferidos 112 elementos *cis*-regulatórios, a partir das regiões promotoras dos genes PvABC *transporters*. Foram preditos elementos *cis*-regulatórios para os 06 genes PvABCA, 32 genes PvABCB, 29 genes PvABCC, 05 genes PvABCD, 06 genes PvABCF, 67 genes PvABCG e 17 genes PvABCI. Não foram encontrados elementos *cis* apenas para os genes PvABCC163 (CBX25010.1) e PvABCG164 (AGV54674.1), devido à falta de sua sequência promotora no banco de dados. A quantidade de elementos *cis* na região promotora dos genes da subfamília A oscilou de 20-27, para os membros da subfamília B a quantidade ficou entre 17-35, para a subfamília C entre 11-30, para a subfamília D variou de 11-26, para a subfamília F ficou entre 18-33, na subfamília G a variação foi de 04-38 e para a subfamília I 02-33.

Dos 112 elementos *cis*-regulatórios, um total de 49 apresentaram anotação funcional e foram classificados como: elementos responsivos a estresses (07), elementos responsivos a hormônios (12) e elementos responsivos à luz (30) (Figura 9).

Os elementos responsivos a estresses foram encontrados em todos os genes da subfamília A e da subfamília F, e na maioria dos genes das subfamílias B, C, D, G e I, isso sugere que, os genes PvABC *transporters* desempenham importantes papéis na resposta ao estresse. Os elementos *cis*-regulatórios relacionados aos estresses biótico e abiótico, incluem elementos envolvidos na indução anaeróbica (ARE), elementos responsivos a baixas temperaturas (LTR), elementos responsivos a fermentos (WUN-*motif*), elementos envolvidos na defesa e na capacidade de resposta ao estresse (Tc-rich repeats), sítio de ligação MYB envolvido na resposta à seca (MBS), elemento envolvido na resposta à desidratação, baixa temperatura e estresse salino (DRE) e elemento estimulador (*enhancer*) envolvido na inducibilidade específica anoxica (GC-*motif*). Os elementos *cis*, desse grupo, encontrados em uma maior quantidade de genes, considerando todas as subfamílias, são ARE, WUN-*motif* e MBS (Figuras 9-15).

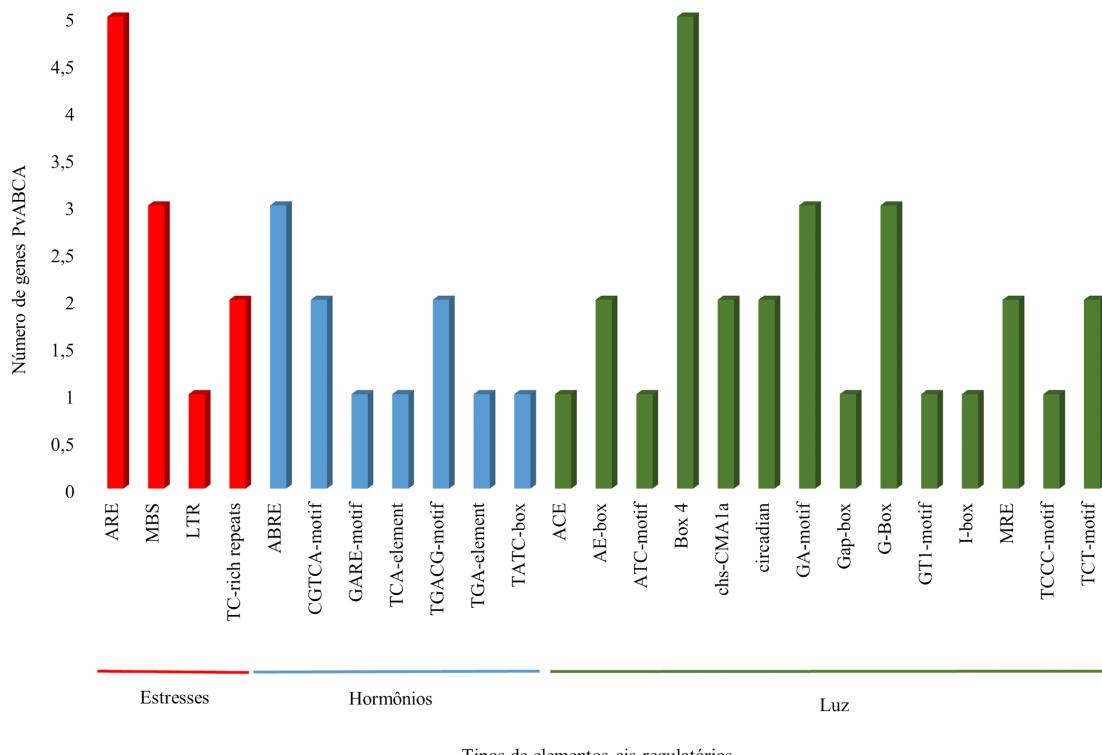
Os elementos responsivos a hormônios inclui alguns elementos como, ABRE, TGACG e CGTCA-*motif*, TCA-*element* e P-*box* que estão envolvidos, respectivamente, na capacidade de resposta ao ABA, metil jasmonato (MeJA), ácido salicílico e giberelina, sendo os elementos mais amplamente distribuídos entre os membros da família PvABC *transporters* (Figuras 9-15).

Os elementos responsivos à luz contém a maioria dos elementos *cis* identificados, sendo mais comuns, nessa família, elementos como o *Box 4*, G-*box*, TCT-*motif*, GT1-*motif*, AE-*box* e GATA-*motif*, esse grupo também conta com a presença de um elemento envolvido no controle do ciclo circadiano (*circadian*) (Figuras 9-15).

Além disso, é importante destacar que os elementos MYC e MYB, foram amplamente observados entre os genes PvABC e alguns estudos sugerem esses elementos atuando em resposta à desidratação, indicando seu papel contra a seca (Ain-Ali *et al.*, 2021). Outros elementos *cis*-regulatórios induzidos pela seca são o ABRE que pode atuar na sinalização de estresses abióticos, e os motivos STRE (Elemento de Resposta ao Estresse), DRE (Elemento de Resposta à Desidratação), LTR e MBS indicando a regulação genética responsiva à seca por parte de alguns genes PvABC.

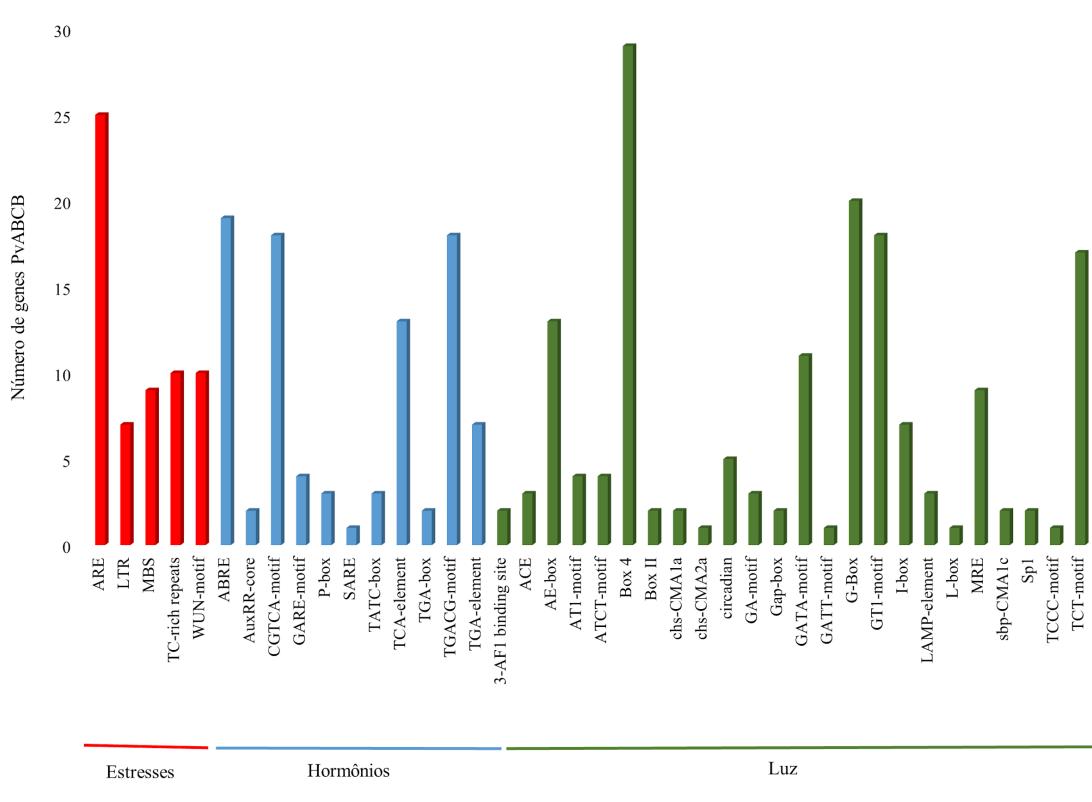
Estes resultados sugerem que a maioria dos genes PvABC pode desempenhar um papel importante na resposta aos estresses, aos hormônios e/ou à luz.

**Figura 9 - Classificação e distribuição dos elementos *cis*-regulatórios na subfamília PvABC.**



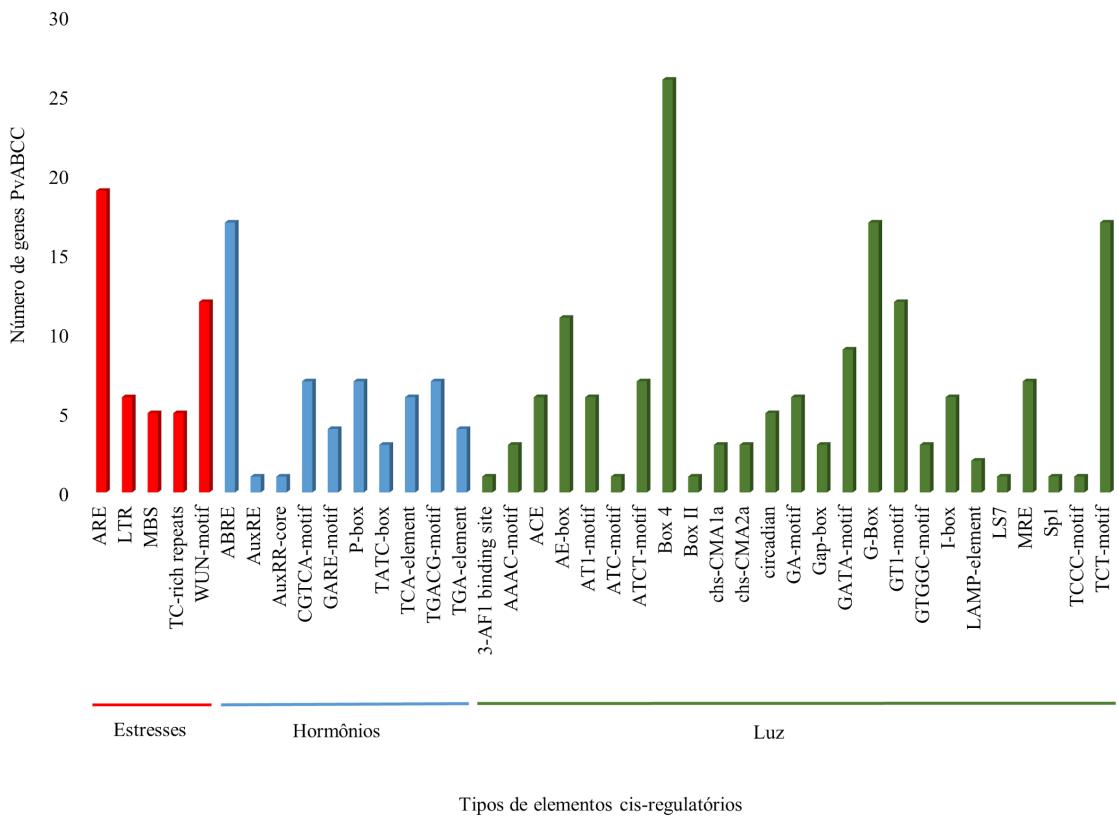
Fonte: A autora, 2024.

**Figura 10 - Classificação e distribuição dos elementos *cis*-regulatórios na subfamília PvABCB.**



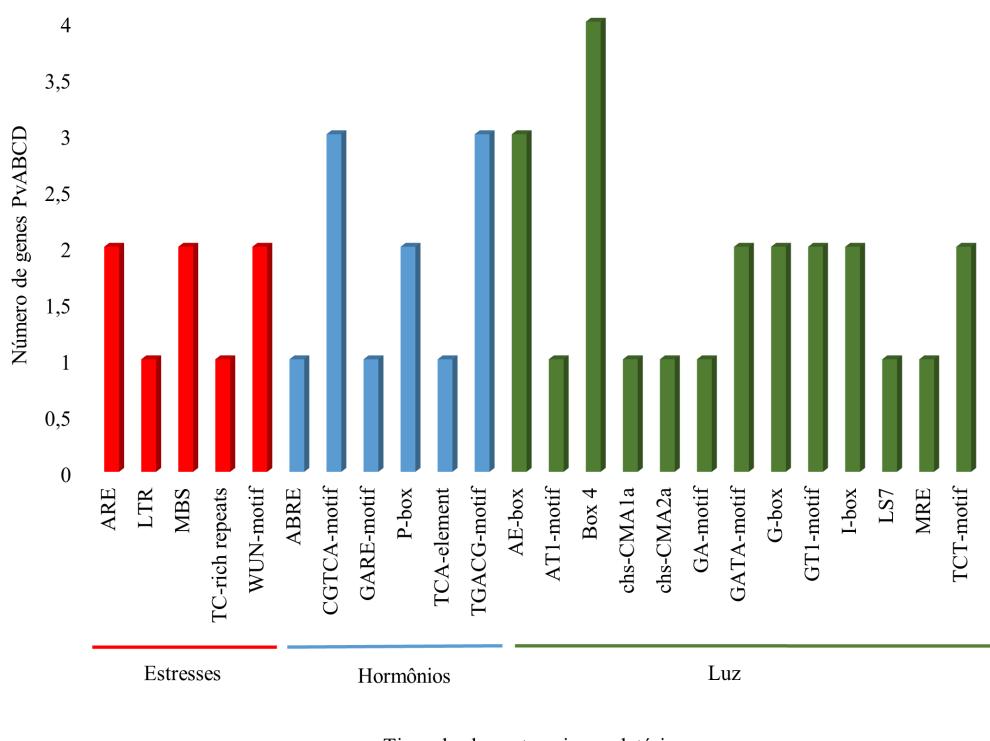
Fonte: A autora, 2024.

**Figura 11** - Classificação e distribuição dos elementos *cis*-regulatórios na subfamília PvABCC.



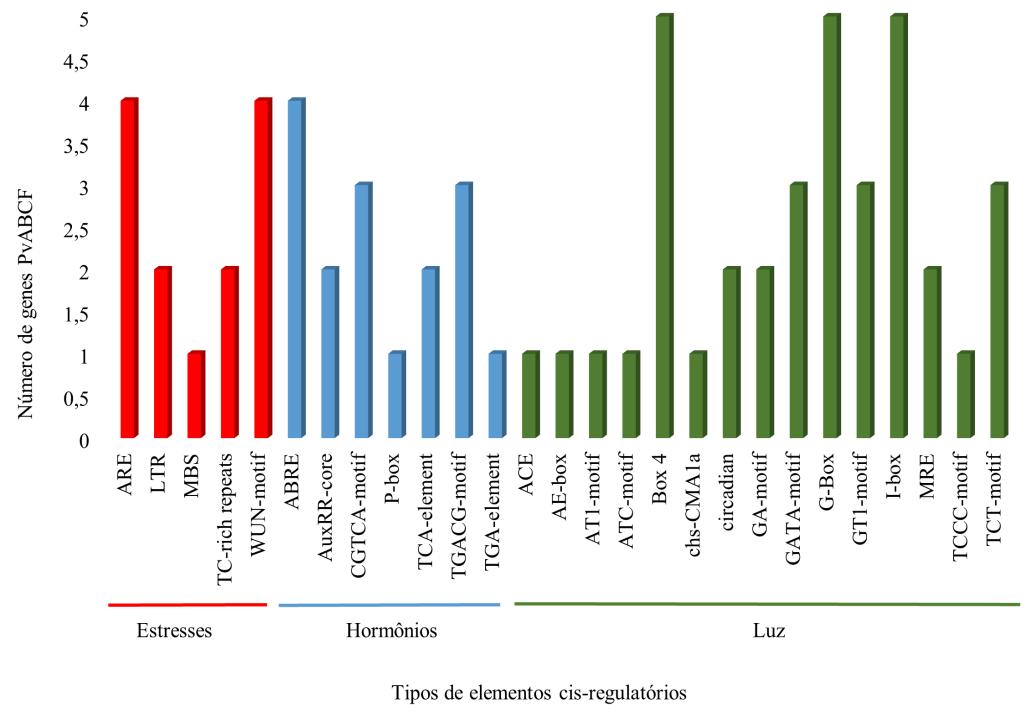
Fonte: A autora, 2024.

**Figura 12** - Classificação e distribuição dos elementos *cis*-regulatórios nas subfamílias PvABCD.



Fonte: A autora, 2024.

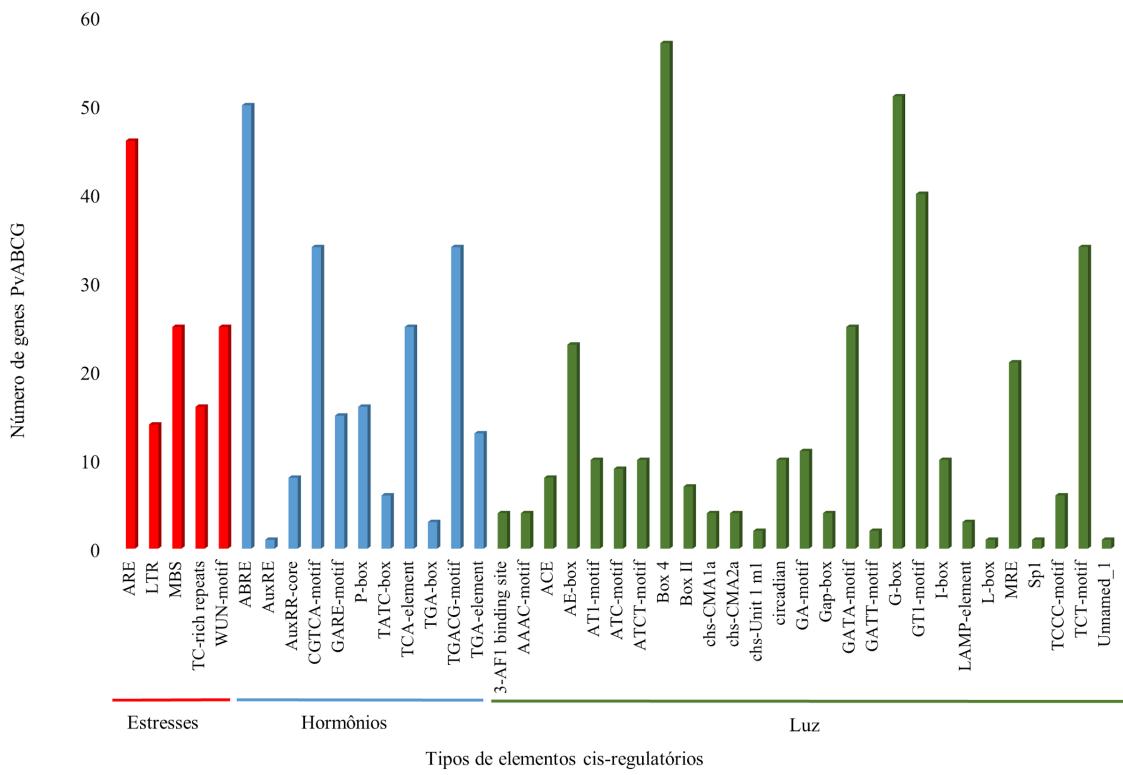
**Figura 13** - Classificação e distribuição dos elementos *cis*-regulatórios na subfamília PvABCF.



Tipos de elementos *cis*-regulatórios

Fonte: A autora, 2024.

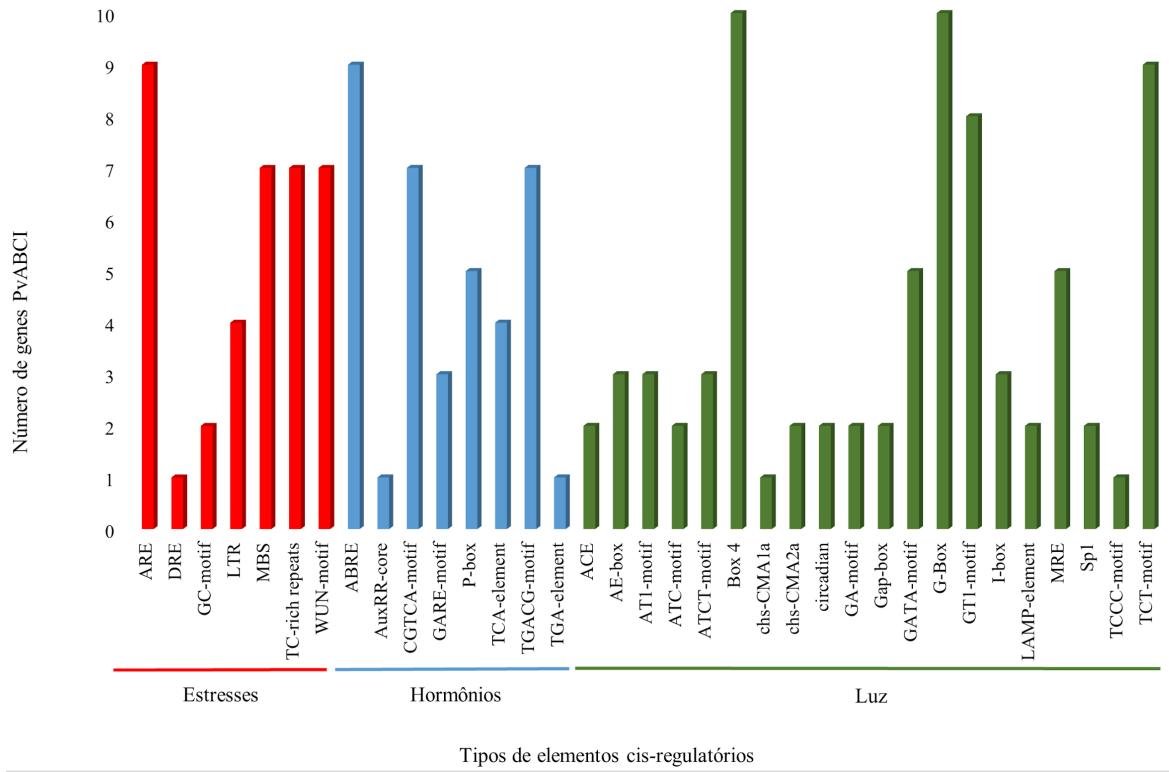
**Figura 14** - Classificação e distribuição dos elementos *cis*-regulatórios nas subfamílias PvABCG.



Tipos de elementos *cis*-regulatórios

Fonte: A autora, 2024.

**Figura 15** - Classificação e distribuição dos elementos *cis*-regulatórios nas subfamílias PvABCI.



Tipos de elementos *cis*-regulatórios

Fonte: A autora, 2024.

## 5 CONCLUSÕES

No presente estudo, 164 genes putativos de ABC *transporters* foram identificados no genoma de *P. vulgaris*, distribuídos nos 11 cromossomos de *P. vulgaris*. Houve uma grande variação na estrutura gênica e motivos conservados. A análise filogenética classificou os PvABC em 7 subfamílias e foi possível inferir que as proteínas PvABC estão relacionadas com vários processos fisiológicos, atuando no desenvolvimento vegetal e na resposta à estresses.

Os elementos *cis*-regulatórios dos genes PvABC, foram categorizados em três grupos funcionais, sendo eles: elementos responsivos a estresses, elementos responsivos a hormônios e elementos responsivos à luz. Os elementos mais abundantes em cada grupo, respectivamente, foram ARE, ABRE e Box 4. Estes resultados sugerem que a maioria dos genes PvABC pode desempenhar um papel importante na resposta aos estresses, aos hormônios e/ou à luz.

A caracterização estrutural dos genes e proteínas ABC *transporters* de *P. vulgaris*, aqui apresentada, fornece uma base para a futura exploração de suas potenciais funções celulares e fisiológicas como: crescimento e desenvolvimento da planta, estabelecimento de simbiose e tolerância a estresses ambientais. Considerando os importantes papéis dos ABC *transporters* descritos e caracterizados em plantas modelo como *Arabidopsis* e soja, mais pesquisas são necessárias para desenvolver cultivares resistentes a estresses e eficientes em nutrientes, modulando a expressão de genes ABC *transporters* em *P. vulgaris*.

## REFERÊNCIAS

ARAÚJO, I. P. **Gene finder easy: uma ferramenta para identificação de genes**. 2019. Trabalho de Conclusão de Curso (Bacharelado em Ciência da Computação) - Universidade Federal do Tocantins, Palmas-TO, 2019. Disponível em: <https://citations.springernature.com/book?doi=10.1007/978-1-4939-6783-4>. Acesso em: 10 dez. 2024.

ARMENTEROS, J. J. A. *et al.* DeepLoc: prediction of protein subcellular localization using deep learning. **Bioinformatics**, v. 33, n. 21, p. 3387–3395, 2017. DOI: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btx431>. Disponível em: <https://academic.oup.com/bioinformatics/article/33/21/3387/3931857>. Acesso em: 10 dez. 2024.

ASSEFA, T. *et al.* A review of breeding objectives, genomic resources, and marker-assisted methods in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Molecular Breeding**, v. 39, n. 2, p. 20, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11032-018-0920-0>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11032-018-0920-0>. Acesso em: 27 fev. 2022.

BANASIAK, J.; JASIŃSKI, M. ATP-binding cassette transporters in nonmodel plants. **New Phytologist**, v. 233, n. 4, p. 1597-1612, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1111/nph.17779>. Disponível em: <https://nph.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/nph.17779>. Acesso em: 07 out. 2024.

BELLUCCI, E. *et al.* Genomics of origin, domestication and evolution of *Phaseolus vulgaris*. In: TUBEROSA, R.; GRANER, A.; FRISON, E. (ed.). **Genomics of plant genetic resources**. Dordrecht: Springer, 2014. p. 483-507. *E-book*. DOI: 10.1007/978-94-007-7572-5. Disponível em: <https://link.springer.com/book/10.1007/978-94-007-7572-5>. Acesso em: 24 jan. 2024.

BHAT, N.; WIJAYA, E. B.; PARIKESIT, A. A. Use of the “DNAChecker” Algorithm for Improving Bioinformatics Research. **Makara Journal of Technology**, v. 23, n. 2, p. 4, 2019. DOI: [doi.org/10.7454/mst.v23i2.3488](https://doi.org/10.7454/mst.v23i2.3488). Disponível em: <https://scholarhub.ui.ac.id/mjt/vol23/iss2/4/>. Acesso em: 10 dez. 2024.

BLUM, M. *et al.* The InterPro protein families and domains database: 20 years on. **Nucleic acids research**, v. 49, n. D1, p. D344-D354, 2021. DOI: [doi.org/10.1093/nar/gkaa977](https://doi.org/10.1093/nar/gkaa977). Disponível em: <https://academic.oup.com/nar/article/49/D1/D344/5958491>. Acesso em: 10 dez. 2024.

BRANCO, I.; CHOUPINA, A. Bioinformatics: new tools and applications in life science and personalized medicine. **Applied microbiology and biotechnology**, v. 105, p. 937-951, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00253-020-11056-2>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s00253-020-11056-2>. Acesso em: 21 nov. 2024.

CAI, X. *et al.* Overexpression of OsABCG48 lowers cadmium in rice (*Oryza sativa* L.). **Agronomy**, v. 11, n. 5, p. 918, 2021. DOI: <https://doi.org/10.3390/agronomy11050918>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2073-4395/11/5/918>. Acesso em: 24 fev. 2025.

CARBONELL, S. A. M.; CHIORATO, A. F.; BEZERRA, L. M. C. A planta e o grão de feijão e as formas de apresentação aos consumidores. In: FERREIRA, C. M.; BARRIGOSSI, J. A. F. (ed.). **Arroz e feijão: tradição e segurança alimentar**. Brasília, DF: Embrapa; Santo

Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2021. p. 101-116. *E-book*. Disponível em: <http://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/1134410>. Acesso em: 16 set. 2024.

CASTRO, M. R. **SparkBLAST: utilização da ferramenta Apache Spark para a execução do BLAST em ambiente distribuído e escalável**. 2017. Dissertação (Mestrado em Ciência da Computação) - Universidade Federal de São Carlos, São Carlos-SP, 2017. Disponível em:<https://repositorio.ufscar.br/handle/ufscar/9114> . Acesso em: 10 dez. 2024.

CHEN, C. *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: [doi.org/10.1016/j.molp.2020.06.009](https://doi.org/10.1016/j.molp.2020.06.009). Disponível em: [https://www.cell.com/molecular-plant/fulltext/S1674-2052\(20\)30187-8](https://www.cell.com/molecular-plant/fulltext/S1674-2052(20)30187-8). Acesso em: 10 dez. 2024.

CHEN, F. *et al.* The sequenced angiosperm genomes and genome databases. **Frontiers in plant science**, v. 9, p. 418, 2018. DOI: [doi.org/10.3389/fpls.2018.00418](https://doi.org/10.3389/fpls.2018.00418). Disponível em: <https://www.frontiersin.org/journals/plant-science/articles/10.3389/fpls.2018.00418/full>. Acesso em: 10 dez. 2024.

COÊLHO, J. D. Feijão. **Caderno Setorial ETENE**, n. 322, p. 1-8, 2023. Disponível em: [https://www.bnb.gov.br/s482-dspace/bitstream/123456789/1918/1/2023\\_CDS\\_322.pdf](https://www.bnb.gov.br/s482-dspace/bitstream/123456789/1918/1/2023_CDS_322.pdf). Acesso em: 24 ago. 2024.

COSTA, J. G. C. Feijão. **Embrapa**. 2023. Disponível em: <https://www.embrapa.br/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/feijao/pre-producao/morfologia>. Acesso em: 18 set. 2024.

DAHUJA, A. *et al.* Role of ATP-binding cassette transporters in maintaining plant homeostasis under abiotic and biotic stresses. **Physiologia Plantarum**, v. 171, n. 4, p. 785-801, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1111/ppl.13302>. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1111/ppl.13302>. Acesso em: 27 fev. 2022.

DAMIÃO, H. S. B. **Identificação e caracterização de genes codificantes de quitinase no genoma de *Handroanthus impetiginosus***. 2019. Trabalho de Conclusão de Curso (Bacharelado em Biotecnologia) - Universidade Federal de Uberlândia, Patos de Minas – MG, 2019. Disponível em: <https://repositorio.ufu.br/handle/123456789/27623>. Acesso em: 10 dez. 2024.

DEVANNA, B. N. *et al.* Role of transporters in plant disease resistance. **Physiologia Plantarum**, v. 171, n. 4, p. 849-867, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1111/ppl.13377>. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/ppl.13377>. Acesso em: 08 out. 2024.

DINIZ, W.; CANDURI, F. Bioinformatics: an overview and its applications. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 1, p. 10.4238, 2017. DOI: [doi.org/10.4238/gmr16019645](https://doi.org/10.4238/gmr16019645). Disponível em: <https://www.funpecrp.com.br/gmr/year2017/vol16-1/pdf/gmr-16-01-gmr.16019645.pdf>. Acesso em: 31 dez. 2024.

DO, T. H. T. *et al.* 2021 update on ATP-binding cassette (ABC) transporters: how they meet the needs of plants. **Plant Physiology**, v. 187, n. 4, p. 1876-1892, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1093/plphys/kiab193>. Disponível em: <https://academic.oup.com/plphys/article/187/4/1876/6270926>. Acesso em: 27 fev. 2022.

DO, T. H. T.; MARTINOIA, E.; LEE, Y. Functions of ABC transporters in plant growth and development. **Current opinion in plant biology**, v. 41, p. 32-38, 2018. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2017.08.003>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1369526617301516>. Acesso em: 27 fev. 2022.

ELBOURNE, L. D. H. *et al.* TransportDB 2.0: a database for exploring membrane transporters in sequenced genomes from all domains of life. **Nucleic Acids Research**, v. 45, n. D1, p. D320-D324, 2017. DOI: [doi.org/10.1093/nar/gkw1068](https://doi.org/10.1093/nar/gkw1068). Disponível em: <https://academic.oup.com/nar/article/45/D1/D320/2605703>. Acesso em: 10 dez. 2024.

FARIAS, D. R. **Análise de elementos *cis-acting* em regiões promotoras de genes relacionados com desenvolvimento radicular em arroz (*Oryza sativa* L.)**. 2013. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2013. Disponível em: <http://guaiaca.ufpel.edu.br/handle/prefix/3140>. Acesso em: 09 mar. 2023.

FENG, Y.; BAYAER, E.; QI, Y. Advances in the biological functions of auxin transporters in rice. **Agriculture**, v. 12, n. 7, p. 989, 2022. DOI: <https://doi.org/10.3390/agriculture12070989>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2077-0472/12/7/989#B96-agriculture-12-00989>. Acesso em: 05 jan. 2025.

FENG, Y. *et al.* Genome-wide identification and characterization of ABC transporters in nine Rosaceae species identifying MdABCG28 as a possible cytokinin transporter linked to dwarfing. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 20, n. 22, p. 5783, 2019. DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms20225783>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/1422-0067/20/22/5783>. Acesso em: 20 fev. 2025.

GALLARDO, K. C. Bioinformática aplicada a la predicción de proteínas. In: GALLARDO, K. C.; RHENALS, M. V.; ORTEGA, N. A. (ed.). **Ensayos de bioquímica aplicados a programas del área de la salud**. Cartagena de Indias: Editorial Universitaria, 2017. p. 105-112. *E-book*. Disponível em: <https://repositorio.unicartagena.edu.co/entities/publication/455a3fa6-9d08-4b45-8479-9e76e0e74fc>. Acesso em: 10 dez. 2024.

GAUTHIER, J. *et al.* A brief history of bioinformatics. **Briefings in bioinformatics**, v. 20, n. 6, p. 1981-1996, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1093/bib/bby063>. Disponível em: <https://academic.oup.com/bib/article/20/6/1981/5066445>. Acesso em: 21 nov. 2024.

GILL, R. A. *et al.* The role of membrane transporters in plant growth and development, and abiotic stress tolerance. **International journal of molecular sciences**, v. 22, n. 23, p. 12792, 2021. DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms222312792>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/1422-0067/22/23/12792>. Acesso em: 05 jan. 2025.

GONZÁLEZ-PECH, R. A.; STEPHENS, T. G.; CHAN, C. X. Commonly misunderstood parameters of NCBI BLAST and important considerations for users. **Bioinformatics**, v. 35, n.

15, p. 2697-2698, 2019. DOI: doi.org/10.1093/bioinformatics/bty1018. Disponível em: <https://academic.oup.com/bioinformatics/article/35/15/2697/5239655>. Acesso em: 10 dez. 2024.

HU, B. *et al.* GSDS 2.0: an upgraded gene feature visualization server. **Bioinformatics**, v. 31, n. 8, p. 1296-1297, 2015. DOI: doi.org/10.1093/bioinformatics/btu817. Disponível em: <https://academic.oup.com/bioinformatics/article/31/8/1296/213025>. Acesso em: 10 dez. 2024.

HUANG, J. *et al.* Genome-Wide Identification of Soybean ABC Transporters Relate to Aluminum Toxicity. **International journal of molecular sciences**, v. 22, n. 12, p. 6556, 2021. DOI: <https://doi.org/10.3390/ijms22126556>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/1422-0067/22/12/6556>. Acesso em: 27 fev. 2022.

HWANG, J. U. *et al.* Plant ABC transporters enable many unique aspects of a terrestrial plant's lifestyle. **Molecular plant**, v. 9, n. 3, p. 338-355, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.molp.2016.02.003>. Disponível em: [https://www.cell.com/molecular-plant/fulltext/S1674-2052\(16\)00036-8](https://www.cell.com/molecular-plant/fulltext/S1674-2052(16)00036-8). Acesso em: 17 nov. 2024.

JAWDAT, D. The era of bioinformatics. **IEEE**, p. 1860-1865, 2006. DOI: 10.1109/ICTTA.2006.1684672. Disponível em: <https://ieeexplore.ieee.org/abstract/document/1684672>. Acesso em: 21 nov. 2124.

JOVANOVIC, N.; MIKHEYEV, A. S. Interactive web-based visualization and sharing of phylogenetic trees using phylogeny. IO. **Nucleic acids research**, v. 47, n. W1, p. W266-W269, 2019. DOI: doi.org/10.1093/nar/gkz356. Disponível em: <https://academic.oup.com/nar/article/47/W1/W266/5494736>. Acesso em: 10 dez. 2124.

KAMBLE, A.; KHAIRKAR, R. Basics of bioinformatics in biological research. **International Journal of Applied Sciences and Biotechnology**, v. 4, n. 4, p. 425-429, 2016. DOI: 10.3126/ijasbt.v4i4.16252. Disponível em: [https://www.researchgate.net/publication/359436587\\_BASICS\\_OF\\_BIOINFORMATICS\\_IN\\_BIOLOGICAL\\_RESEARCH](https://www.researchgate.net/publication/359436587_BASICS_OF_BIOINFORMATICS_IN_BIOLOGICAL_RESEARCH). Acesso em: 21 nov. 2024.

KARAVIDAS, I. *et al.* Agronomic Practices to Increase the Yield and Quality of Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.): A Systematic Review. **Agronomy**, v. 12, n. 2, p. 271, 2022. DOI: <https://doi.org/10.3390/agronomy12020271>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2073-4395/12/2/271>. Acesso em: 09 mar. 2023.

KATOH, K.; ROZEWICKI, J.; YAMADA, K. D. MAFFT online service: multiple sequence alignment, interactive sequence choice and visualization. **Briefings in bioinformatics**, v. 20, n. 4, p. 1160-1166, 2019. DOI: doi.org/10.1093/bib/bbx108. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/28968734/>. Acesso em: 10 dez. 2024.

KIM, A. *et al.* Non-intrinsic ATP-binding cassette proteins ABCI19, ABCI20 and ABCI21 modulate cytokinin response at the endoplasmic reticulum in *Arabidopsis thaliana*. **Plant cell reports**, v. 39, p. 473-487, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00299-019-02503-0>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s00299-019-02503-0>. Acesso em: 05 jan. 2025.

KIM, D. Y. *et al.* Overexpression of AtABCG36 improves drought and salt stress resistance in Arabidopsis. **Physiologia plantarum**, v. 139, n. 2, p. 170-180, 2010. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1399-3054.2010.01353.x>. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/j.1399-3054.2010.01353.x>. Acesso em: 05 jan. 2025.

KRISHNAKUMAR, V. *et al.* ThaleMine: a warehouse for Arabidopsis data integration and discovery. **Plant and Cell Physiology**, v. 58, n. 1, p. e4-e4, 2017. DOI: [doi.org/10.1093/pcp/pcw200](https://doi.org/10.1093/pcp/pcw200). Disponível em: <https://academic.oup.com/pcp/article/58/1/e4/2737548>. Acesso em: 10 dez. 2024.

KUMARI, S. *et al.* Multiple roles of ABC transporters in yeast. **Fungal Genetics and Biology**, v. 150, p. 103550, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.fgb.2021.103550>. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1087184521000347>. Acesso em: 10 out. 2024.

KUMAR, R.; DHANDA, S. K. Bird Eye View of Protein Subcellular Localization Prediction. **Life**, v. 10, n. 12, p. 347, 2020. DOI: [doi.org/10.3390/life10120347](https://doi.org/10.3390/life10120347). Disponível em: <https://www.mdpi.com/2075-1729/10/12/347>. Acesso em: 10 dez. 2024.

KUROMORI, T.; SUGIMOTO, E.; SHINOZAKI, K. Arabidopsis mutants of AtABCG22, an ABC transporter gene, increase water transpiration and drought susceptibility. **The Plant Journal**, v. 67, n. 5, p. 885-894, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1365-313X.2011.04641.x>. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1365-313X.2011.04641.x>. Acesso em: 05 jan. 2025.

KUSHWAHA, U. K. S. *et al.* Role of bioinformatics in crop improvement. **Global Journal of Science Frontier Research: D Agriculture and Veterinary**, v. 17, p. 13-24, 2017. Disponível em: <https://www.researchgate.net/publication/314032951>. Acesso em: 10 dez. 2024.

LEE, E. J. *et al.* Arabidopsis seedling establishment under waterlogging requires ABCG5-mediated formation of a dense cuticle layer. **New Phytologist**, v. 229, n. 1, p. 156-172, 2021. DOI: <https://doi.org/10.1111/nph.16816>. Disponível em: <https://nph.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/nph.16816>. Acesso em: 05 jan. 2025.

LESCOT, M. *et al.* PlantCARE, a database of plant cis-acting regulatory elements and a portal to tools for *in silico* analysis of promoter sequences. **Nucleic Acids Research**, v. 30, n. 1, p. 325-327, 2002. DOI: <https://doi.org/10.1093/nar/30.1.325>. Disponível em: <https://academic.oup.com/nar/article/30/1/325/1332250>. Acesso em: 27 fev. 2022.

LI, J. *et al.* Structures of the CcmABCD heme release complex at multiple states. **Nature communications**, v. 13, n. 1, p. 6422, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41467-022-34136-5>. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/s41467-022-34136-5>. Acesso em: 24 fev. 2025.

LI, P. *et al.* Plant transporters: roles in stress responses and effects on growth and development. **Plant Growth Regulation**, v. 93, p. 253-266, 2021. DOI:

<https://doi.org/10.1007/s10725-020-00684-3>. Disponível em:  
<https://link.springer.com/article/10.1007/s10725-020-00684-3>. Acesso em: 08 out. 2024.

LIN, X. *et al.* Sequence and analysis of chromosome 2 of the plant *Arabidopsis thaliana*. **Nature**, v. 402, p. 761–768, 1999. DOI: <https://doi.org/10.1038/45471>. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/45471>. Acesso em: 24 fev. 2025.

LOBATON, J. D. *et al.* Resequencing of common bean identifies regions of inter–gene pool introgression and provides comprehensive resources for molecular breeding. **The plant genome**, v. 11, n. 2, p. 1-21, 2018. DOI: <https://doi.org/10.3835/plantgenome2017.08.0068>. Disponível em: <https://acess.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.3835/plantgenome2017.08.0068>. Acesso em: 27 fev. 2022.

LOPEZ-ORTIZ, C. *et al.* Genome-wide identification and gene expression pattern of ABC transporter gene family in *Capsicum* spp. **PloS one**, v. 14, n. 4, p. e0215901, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0215901>. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0215901>. Acesso em: 05 mar. 2022.

LOSA, A. *et al.* Drought and heat affect common bean minerals and human diet—What we know and where to go. **Food and Energy Security**, v. 11, n. 1, p. e351, 2022. DOI: <https://doi.org/10.1002/fes3.351>. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/fes3.351>. Acesso em: 04 set. 2024.

LU, Y. *et al.* Genome-wide identification and expression analysis of the expansin gene family in tomato. **Molecular Genetics and Genomics**, v. 291, p. 597-608, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1007/s00438-015-1133-4>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s00438-015-1133-4>. Acesso em: 20 fev. 2025.

MINH, B. Q. *et al.* IQ-TREE 2: New models and efficient methods for phylogenetic inference in the genomic era. **Molecular biology and evolution**, v. 37, n. 5, p. 1530-1534, 2020. DOI: [doi.org/10.1093/molbev/msaa015](https://doi.org/10.1093/molbev/msaa015). Disponível em: <https://academic.oup.com/mbe/article/37/5/1530/5721363>. Acesso em: 10 dez. 2024.

MISHRA, A. K. *et al.* *In silico* genome-wide analysis of the ATP-binding cassette transporter gene family in soybean (*Glycine max* L.) and their expression profiling. **BioMed research international**, v. 2019, n. 1, p. 1-14, 2019. DOI: <https://doi.org/10.1155/2019/8150523>. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1155/2019/8150523>. Acesso em: 27 fev. 2022.

NAAZ, S.; AHMAD, N.; QURESHI, I. ATP binding cassette (ABC) transporters in plant development and defense. In: CHENG, J. T. (ed.). **Molecular and physiological insights into plant stress tolerance and applications in agriculture**: part 2. Bentham science, 2023. p. 293-311. *E-book*. DOI: <https://doi.org/10.2174/9789815179699124010012>. Disponível em: <https://www.researchgate.net/publication/372483334>. Acesso em: 15 nov. 2024.

NASCIMENTO, E. S. **Ferramenta web para descoberta e categorização de genes cry**. 2017. Dissertação (Mestrado em Bioinformática) - Universidade Tecnológica Federal do

Paraná, Cornélio Procópio - PR, 2017. Disponível em:  
<https://core.ac.uk/download/pdf/162882102.pdf>. Acesso em: 10 dez. 2024.

NEIS, A. Entendendo o BLAST (parte I): conceitos principais. **Medium**, 18 nov. 2020. Disponível em:  
<https://medium.com/omixdata/entendendo-blast-parte-1-conceitos-principais-4711e34cc2b6>. Acesso em: 10 dez. 2024.

OLIVEIRA, M. G. C. *et al.* **Conhecendo a fenologia do feijoeiro e seus aspectos fitotécnicos**. 1 ed. Brasília: Embrapa, 2018. *E-book*. Disponível em:  
<https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/173690/1/CNPAF-2018-lvfeijoeiro.pdf>. Acesso em: 18 set. 2024.

PUNDIR, S.; MARTIN, M. J.; O'DONOVAN, C. UniProt protein knowledgebase. In: WU, C. H.; ARIGHI, C. N.; ROSS, K. E. (ed.). **Protein Bioinformatics**. 1 ed. New York: Humana New York, 2017. p. 41-55. *E-book*. DOI: doi.org/10.1007/978-1-4939-6783-4\_2. Disponível em: <https://link.springer.com/book/10.1007/978-1-4939-6783-4>. Acesso em: 10 dez. 2024.

REES, D. C.; JOHNSON, E.; LEWINSON, O. ABC transporters: the power to change. **Nature reviews Molecular cell biology**, v. 10, n. 3, p. 218-227, 2009. DOI: <https://doi.org/10.1038/nrm2646>. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/nrm2646>. Acesso em: 27 fev. 2022.

SAMSULRIZAL, N. H. *et al.* *In silico* characterization of putative zat10 gene in *Stevia rebaudiana* ACCESSION MS007. **Big Data In Agriculture (BDA)**, v. 3, n. 2, p. 51-55, 2021. DOI: doi.org/10.26480/bda.02.2021.51.55. Disponível em:  
<https://ideas.repec.org/a/zib/zbnbda/v3y2021i2p51-55.html>. Acesso em: 10 dez. 2024.

SELZER, P. M.; MARHÖFER, R. J.; KOCH, O. Biological Databases. In: SELZER, P. M.; MARHÖFER, R. J.; KOCH, O. (ed.). **Applied Bioinformatics**. Springer: Cham, 2018. p.13-34. *E-book*. DOI: doi.org/10.1007/978-3-319-68301-0\_2. Disponível em:  
[https://link.springer.com/chapter/10.1007/978-3-319-68301-0\\_2](https://link.springer.com/chapter/10.1007/978-3-319-68301-0_2). Acesso em: 10 dez. 2024.

SILVA, O. F.; WANDER, A. E. **O feijão-comum no Brasil**: passado, presente e futuro. 1 ed. Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2013. *E-book*. Disponível em:  
<https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/bitstream/doc/961699/1/seriedocumentos287.pdf>. Acesso em: 19 set. 2024.

SILVA, R. H. **Genômica estrutural e funcional de genes correguladores de cana-de-açúcar em resposta a supressão de rega**. 2020. Dissertação (Mestrado em Genética) - Universidade Federal de Pernambuco, Recife – PE, 2020. Disponível em:  
[https://bdtd.ibict.br/vufind/Record/UFPE\\_6dd5059419f8ea5d04020b46713c77ef](https://bdtd.ibict.br/vufind/Record/UFPE_6dd5059419f8ea5d04020b46713c77ef). Acesso em: 10 dez. 2024.

SOUSA, I. S. F.; FERREIRA, C. M. Aspectos histórico-culturais do arroz e do feijão na sociedade brasileira. In: FERREIRA, C. M.; BARRIGOSSI, J. A. F. (ed.). **Arroz e feijão: tradição e segurança alimentar**. Brasília, DF: Embrapa; Santo Antônio de Goiás: Embrapa Arroz e Feijão, 2021. *E-book*. Disponível em:  
<https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/1134402?mode=full>. Acesso em: 22 set. 2024.

SOUZA, T. L. P. O. *et al.* **Cultivares de feijão comum da Embrapa e parceiros disponíveis para 2013.** 2013. Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/953722/1/comunicadotecnico211.pdf>. Acesso em: 22 set. 2024.

TENE, T. M. *et al.* Traits Related to Heat Stress in *Phaseolus* Species. **Agriculture**, v. 13, n. 5, p. 953, 2023. DOI: <https://doi.org/10.3390/agriculture13050953>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2077-0472/13/5/953>. Acesso em: 31 dez. 2024.

TIGIST, S. G. Common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) and the bean bruchid (*Zabrotes subfasciatus*): A Review. **International Journal of Research in Agriculture and Forestry**, v. 7, n. 11, p. 21-31, 2020. Disponível em: <https://ijraf.org/papers/v7-i11/4.pdf>. Acesso em: 21 ago. 2024.

THOMAS, C. *et al.* Structural and functional diversity calls for a new classification of ABC transporters. **FEBS letters**, v. 594, n. 23, p. 3767-3775, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1002/1873-3468.13935>. Disponível em: <https://febs.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1002/1873-3468.13935>. Acesso em: 11 out. 2024.

THOMAS, C.; TAMPÉ, R. Structural and mechanistic principles of ABC transporters. **Annual review of biochemistry**, v. 89, n. 1, p. 605-636, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1146/annurev-biochem-011520-105201>. Disponível em: <https://www.annualreviews.org/content/journals/10.1146/annurev-biochem-011520-105201>. Acesso em: 11 out. 2024.

VERRIER, P. J. *et al.* Plant ABC proteins - a unified nomenclature and updated inventory. **Trends Plant Sci.** v. 13, n. 1, p. 151–159, 2008. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2008.02.001>. Disponível em: [https://www.cell.com/trends/plant-science/abstract/S1360-1385\(08\)00036-8](https://www.cell.com/trends/plant-science/abstract/S1360-1385(08)00036-8). Acesso em: 27 fev. 2022.

VESANTO, A. **Detecting and analyzing text reuse with BLAST.** 2019. Dissertation (Master Degree in Biotechnology) - University of Turku, Turku - FI, 2019. Disponível em: [https://www.utupub.fi/bitstream/handle/10024/146706/Vesanto\\_Aleksi\\_opinnayte.pdf?sequence=1](https://www.utupub.fi/bitstream/handle/10024/146706/Vesanto_Aleksi_opinnayte.pdf?sequence=1). Acesso em: 10 dez. 2022.

VLASOVA, A. *et al.* Genome and transcriptome analysis of the Mesoamerican common bean and the role of gene duplications in establishing tissue and temporal specialization of genes. **Genome biology**, v. 17, n. 1, p. 1-18, 2016. DOI: <https://doi.org/10.1186/s13059-016-0883-6>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1186/s13059-016-0883-6>. Acesso em: 27 fev. 2022.

WANDER, A. E.; SILVA, O. F. Estatística da produção. **Embrapa**. 2023. Disponível em: <https://www.embrapa.br/en/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/feijao/pre-producao/ocioeconomia/estatistica-da-producao>. Acesso em: 19 set. 2024.

XU, Y. *et al.* Complexation of CcmB with CcmACD safeguards heme translocation for cytochrome c maturation. **mLife**, v. , n. , p. 1-16, 2025. DOI:

<https://doi.org/10.1002/mlf2.12150>. Disponível em:  
<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/mlf2.12150>. Acesso em: 24 fev. 2025.

ZERLOTINI NETO, A. *et al.* Aplicações da bioinformática na agricultura. In: MASSRUHÁ, S. M. F. S. *et al.* (ed.). **Agricultura digital: pesquisa, desenvolvimento e inovação nas cadeias produtivas**. Brasília, DF: Embrapa, 2020. cap. 10, p. 234-257. *E-book*. Disponível em: <http://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/handle/doc/1126268>. Acesso em: 10 dez. 2024.

ZHANG, X.; ZHOU, X.; WANG, X. Basics for bioinformatics. In: JIANG, R. *et al.* (ed.). **Basics of bioinformatics**: lecture notes of the graduate summer school on bioinformatics of China. Tsinghua University Press, Beijing and Springer-Verlag Berlin Heidelberg, 2013. p. 1-25. *E-book*. DOI 10.1007/978-3-642-38951-1. Disponível em: <https://link.springer.com/book/10.1007/978-3-642-38951-1>. Acesso em: 21 nov. 2024.

ZHANG, Z. *et al.* Genome-wide identification of barley ABC genes and their expression in response to abiotic stress treatment. **Plants**, v. 9, n. 10, p. 1281, 2020. DOI: <https://doi.org/10.3390/plants9101281>. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2223-7747/9/10/1281>. Acesso em: 09 mar. 2023.

## APÊNDICES

APÊNDICE A - Tabela com os códigos de identificação das proteínas e locos gênicos, utilizados pelo NCBI.

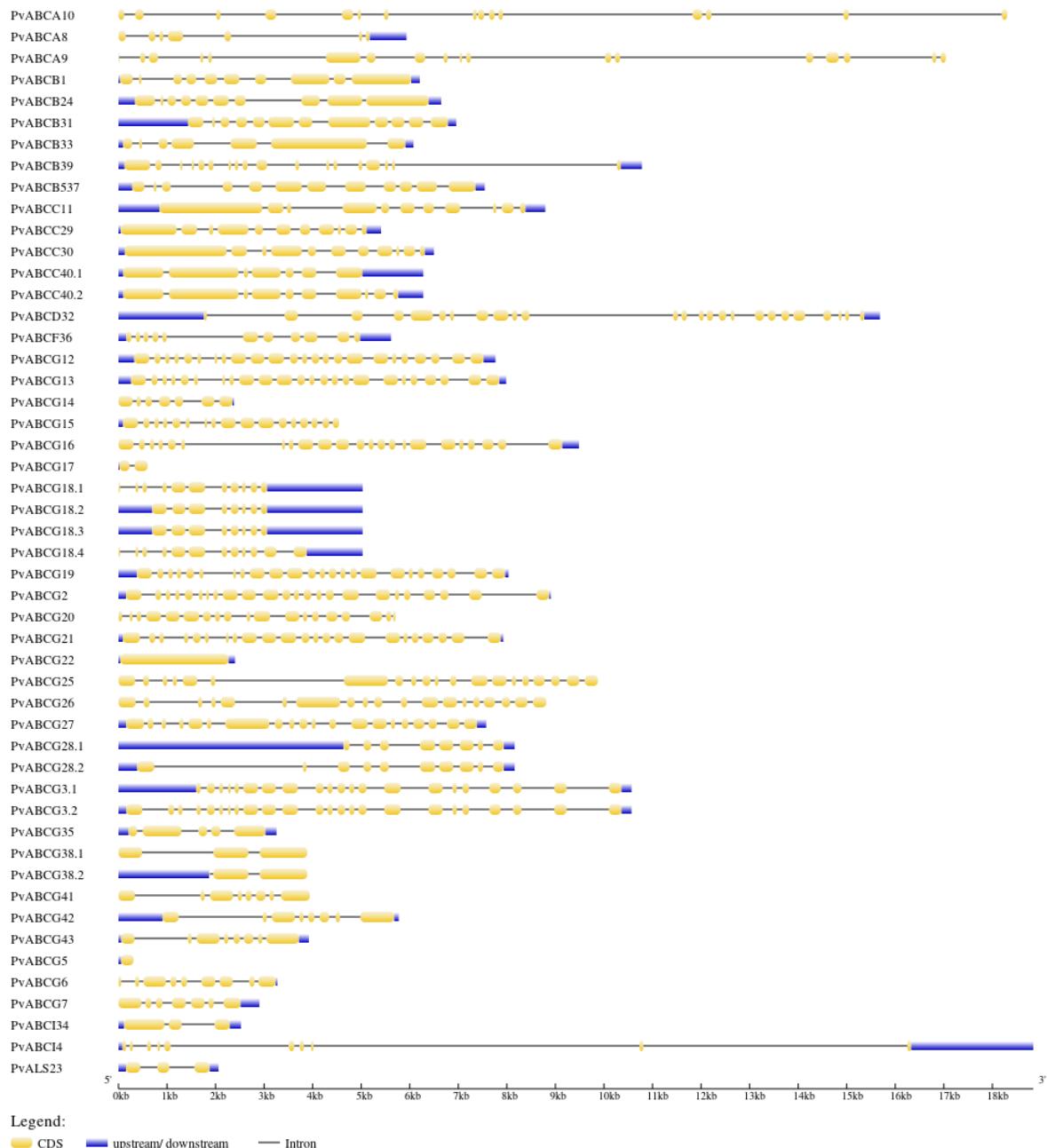
Nome	ID	<i>Locus</i>
PvABCB1	XP_007160658.1	PHAVU_001G005900g
PvABCG2	XP_007161247.1	PHAVU_001G054400g
PvABCG3.1	XP_007161248.1	PHAVU_001G054500g
PvABCG3.2	XP_007161249.1	PHAVU_001G054500g
PvABCI4	XP_007161668.1	PHAVU_001G088400g
PvABCG5	XP_007162175.1	PHAVU_001G130600g
PvABCG6	XP_007162176.1	PHAVU_001G130700g
PvABCG7	XP_007162179.1	PHAVU_001G130900g
PvABCA8	XP_007162181.1	PHAVU_001G1311001g
PvABCA9	XP_007162182.1	PHAVU_001G1311000g
PvABCA10	XP_007162183.1	PHAVU_001G131200g
PvABCC11	XP_007162606.1	PHAVU_001G165500g
PvABCG12	XP_007162608.1	PHAVU_001G165700g
PvABCG13	XP_007162609.1	PHAVU_001G165800g
PvABCG14	XP_007162610.1	PHAVU_001G1659001g
PvABCG15	XP_007162611.1	PHAVU_001G1659000g
PvABCG16	XP_007162612.1	PHAVU_001G166000g
PvABCG17	XP_007162613.1	PHAVU_001G166100g
PvABCG18.1	XP_007162614.1	PHAVU_001G166200g
PvABCG18.2	XP_007162615.1	PHAVU_001G166200g
PvABCG18.3	XP_007162616.1	PHAVU_001G166200g
PvABCG18.4	XP_007162617.1	PHAVU_001G166200g
PvABCG19	XP_007162618.1	PHAVU_001G166300g
PvABCG20	XP_007162619.1	PHAVU_001G166400g
PvABCG21	XP_007162620.1	PHAVU_001G166500g
PvABCG22	XP_007162694.1	PHAVU_001G172400g
PvALS23	XP_007162700.1	PHAVU_001G172900g
PvABCB24	XP_007162774.1	PHAVU_001G179300g
PvABCG25	XP_007162867.1	PHAVU_001G187700g
PvABCG26	XP_007162868.1	PHAVU_001G187800g
PvABCG27	XP_007162869.1	PHAVU_001G187900g
PvABCG28.1	XP_007163008.1	PHAVU_001G198400g
PvABCG28.2	XP_007163009.1	PHAVU_001G198400g
PvABCC29	XP_007163104.1	PHAVU_001G206600g
PvABCC30	XP_007163105.1	PHAVU_001G206700g
PvABCB31	XP_007163242.1	PHAVU_001G218000g
PvABCD32	XP_007163644.1	PHAVU_001G251800g
PvABCB33	XP_007163694.1	PHAVU_001G256200g
PvABCI34	XP_007156658.1	PHAVU_002G006200g
PvABCG35	XP_007158067.1	PHAVU_002G121200g
PvABCF36	XP_007158074.1	PHAVU_002G121800g
PvABCB37	XP_007158282.1	PHAVU_002G139400g
PvABCG38.1	XP_007158327.1	PHAVU_002G143300g
PvABCG38.2	XP_007158328.1	PHAVU_002G143300g
PvABCB39	XP_007158401.1	PHAVU_002G150000g
PvABCC40.1	XP_007158721.1	PHAVU_002G176600g

Nome	ID	<i>Locus</i>
PvABCC40.2	XP_007158722.1	PHAVU_002G176600g
PvABCG41	XP_007159118.1	PHAVU_002G210100g
PvABCG42	XP_007159121.1	PHAVU_002G210400g
PvABCG43	XP_007159122.1	PHAVU_002G210500g
PvABCG44	XP_007159123.1	PHAVU_002G210600g
PvABCG45	XP_007159124.1	PHAVU_002G210700g
PvABCB46	XP_007159374.1	PHAVU_002G232900g
PvABCB47	XP_007159375.1	PHAVU_002G233000g
PvABCD48	XP_007159649.1	PHAVU_002G2555001g
PvABCD49	XP_007159650.1	PHAVU_002G2555000g
PvABCG50	XP_007159853.1	PHAVU_002G273300g
PvABCI51	XP_007160223.1	PHAVU_002G303300g
PvABCI52	XP_007160546.1	PHAVU_002G330700g
PvABCG53	XP_007160552.1	PHAVU_002G331200g
PvABCG54	XP_007153314.1	PHAVU_003G024700g
PvABCG55	XP_007154452.1	PHAVU_003G120400g
PvABCG56	XP_007154453.1	PHAVU_003G120500g
PvABCB57	XP_007154480.1	PHAVU_003G122400g
PvABCB58	XP_007154481.1	PHAVU_003G122500g
PvABCB59	XP_007154482.1	PHAVU_003G122600g
PvABCB60	XP_007154483.1	PHAVU_003G122700g
PvABCI61.1	XP_007154907.1	PHAVU_003G157800g
PvABCI61.2	XP_007154908.1	PHAVU_003G157800g
PvABCG62.1	XP_007154928.1	PHAVU_003G159400g
PvABCG62.2	XP_007154929.1	PHAVU_003G159400g
PvABCI63	XP_007155095.1	PHAVU_003G172700g
PvABCB64	XP_007155213.1	PHAVU_003G183200g
PvABCA65	XP_007155326.1	PHAVU_003G191600g
PvENF66	XP_007156324.1	PHAVU_003G276900g
PvABCG67	XP_007156346.1	PHAVU_003G278800g
PvABCB68	XP_007156412.1	PHAVU_003G283900g
PvABCB69	XP_007151162.1	PHAVU_004G023100g
PvABCB70	XP_007151220.1	PHAVU_004G027800g
PvABCC71	XP_007152085.1	PHAVU_004G100800g
PvABCC72	XP_007152086.1	PHAVU_004G100900g
PvABCB73	XP_007152346.1	PHAVU_004G122300g
PvABCG74	XP_007152500.1	PHAVU_004G135400g
PvABCB75	XP_007152910.1	PHAVU_004G170600g
PvABCC76	XP_007148780.1	PHAVU_005G013500g
PvABCC77	XP_007148802.1	PHAVU_005G0155000g
PvABCD78	XP_007149137.1	PHAVU_005G044300g
PvABCD79	XP_007149138.1	PHAVU_005G044400g
PvABCG80	XP_007149406.1	PHAVU_005G067600g
PvABCG81	XP_007149612.1	PHAVU_005G084300g
PvABCF82	XP_007150155.1	PHAVU_005G131600g
PvABCG83	XP_007150161.1	PHAVU_005G132000g
PvABCG84	XP_007150610.1	PHAVU_005G166500g
PvABCG85	XP_007150693.1	PHAVU_005G173600g
PvABCG86	XP_007150694.1	PHAVU_005G173700g
PvABCC87	XP_007150723.1	PHAVU_005G175600g

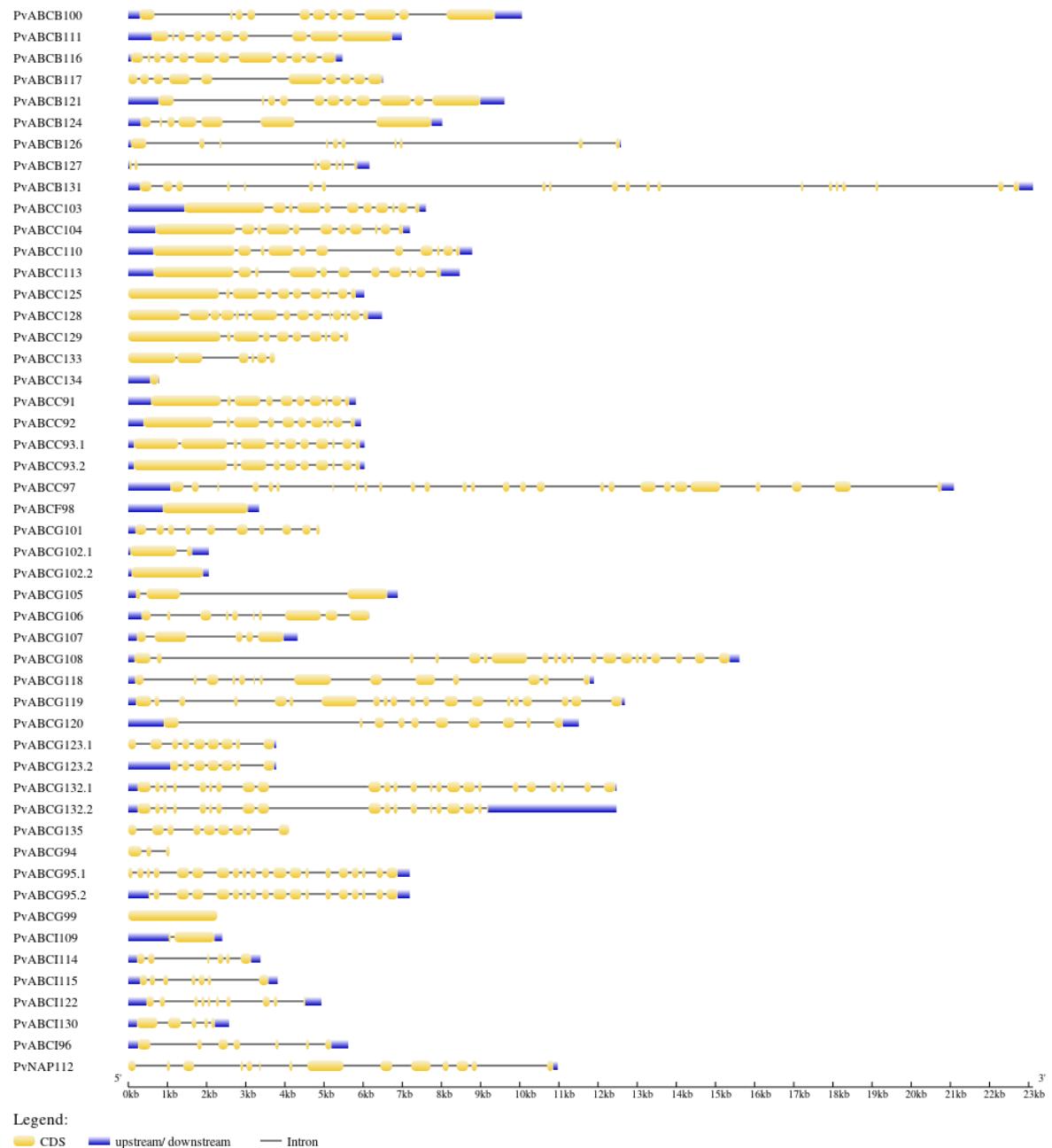
Nome	ID	<i>Locus</i>
PvABCF88	XP_007145952.1	PHAVU_006G000500g
PvABCG89.1	XP_007146117.1	PHAVU_006G013900g
PvABCG89.2	XP_007146118.1	PHAVU_006G013900g
PvABCI90	XP_007146202.1	PHAVU_006G021000g
PvABCC91	XP_007146575.1	PHAVU_006G052200g
PvABCC92	XP_007146600.1	PHAVU_006G053800g
PvABCC93.1	XP_007146601.1	PHAVU_006G053900g
PvABCC93.2	XP_007146602.1	PHAVU_006G053900g
PvABCG95.1	XP_007146763.1	PHAVU_006G0677000g
PvABCG94	XP_007146762.1	PHAVU_006G0677001g
PvABCG95.2	XP_007146764.1	PHAVU_006G0677000g
PvABCI96	XP_007147798.1	PHAVU_006G155900g
PvABCC97	XP_007147930.1	PHAVU_006G166700g
PvABCF98	XP_007148583.1	PHAVU_006G220700g
PvABCG99	XP_007142686.1	PHAVU_007G008200g
PvABCB100	XP_007142712.1	PHAVU_007G010600g
PvABCG101	XP_007143021.1	PHAVU_007G0368000g
PvABCG102.1	XP_007143483.1	PHAVU_007G075700g
PvABCG102.2	XP_007143484.1	PHAVU_007G075700g
PvABCC103	XP_007143515.1	PHAVU_007G077900g
PvABCC104	XP_007143516.1	PHAVU_007G078000g
PvABCG105	XP_007143640.1	PHAVU_007G088800g
PvABCG106	XP_007143733.1	PHAVU_007G096900g
PvABCG107	XP_007143780.1	PHAVU_007G100900g
PvABCG108	XP_007143816.1	PHAVU_007G104000g
PvABCI109	XP_007144028.1	PHAVU_007G123100g
PvABCC110	XP_007144290.1	PHAVU_007G143900g
PvABCB111	XP_007144334.1	PHAVU_007G147400g
PvNAP112	XP_007144363.1	PHAVU_007G150000g
PvABCC113	XP_007144409.1	PHAVU_007G153800g
PvABCI114	XP_007144879.1	PHAVU_007G191500g
PvABCI115	XP_007145023.1	PHAVU_007G203500g
PvABCB116	XP_007145097.1	PHAVU_007G209600g
PvABCB117	XP_007145098.1	PHAVU_007G209700g
PvABCG118	XP_007145487.1	PHAVU_007G243200g
PvABCG119	XP_007145541.1	PHAVU_007G247200g
PvABCG120	XP_007145759.1	PHAVU_007G265300g
PvABCB121	XP_007139267.1	PHAVU_008G015000g
PvABCI122	XP_007139741.1	PHAVU_008G055500g
PvABCG123.1	XP_007140113.1	PHAVU_008G085200g
PvABCG123.2	XP_007140114.1	PHAVU_008G085200g
PvABCB124	XP_007140744.1	PHAVU_008G138100g
PvABCC125	XP_007140786.1	PHAVU_008G142000g
PvABCB126	XP_007140933.1	PHAVU_008G153500g
PvABCB127	XP_007140934.1	PHAVU_008G153600g
PvABCC128	XP_007141098.1	PHAVU_008G167300g
PvABCC129	XP_007141099.1	PHAVU_008G167400g
PvABCI130	XP_007141554.1	PHAVU_008G205800g
PvABCB131	XP_007141996.1	PHAVU_008G243800g
PvABCG132.1	XP_007142212.1	PHAVU_008G261600g

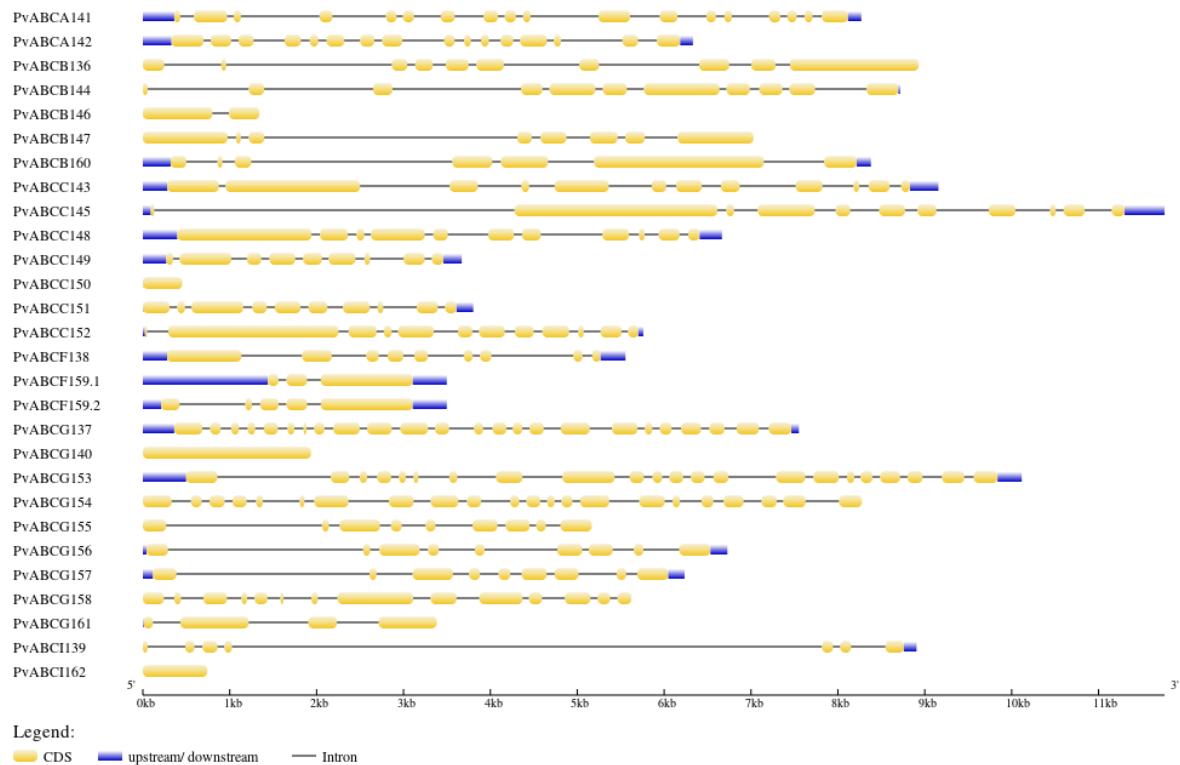
Nome	ID	<i>Locus</i>
PvABCG132.2	XP_007142213.1	PHAVU_008G261600g
PvABCC133	XP_007142389.1	PHAVU_008G276200g
PvABCC134	XP_007142393.1	PHAVU_008G276500g
PvABCG135	XP_007142441.1	PHAVU_008G280800g
PvABCB136	XP_007136381.1	PHAVU_009G040700g
PvABCG137	XP_007137056.1	PHAVU_009G096200g
PvABCF138	XP_007137590.1	PHAVU_009G139100g
PvABCI139	XP_007137725.1	PHAVU_009G150700g
PvABCG140	XP_007137794.1	PHAVU_009G156100g
PvABCA141	XP_007138204.1	PHAVU_009G189300g
PvABCA142	XP_007138205.1	PHAVU_009G189400g
PvABCC143	XP_007138914.1	PHAVU_009G248400g
PvABCB144	XP_007134024.1	PHAVU_010G0128000g
PvABCC145	XP_007134353.1	PHAVU_010G040400g
PvABCB146	XP_007135398.1	PHAVU_010G1262001g
PvABCB147	XP_007135399.1	PHAVU_010G1262000g
PvABCC148	XP_007135528.1	PHAVU_010G136900g
PvABCC149	XP_007135566.1	PHAVU_010G140300g
PvABCC150	XP_007135569.1	PHAVU_010G1404003g
PvABCC151	XP_007135570.1	PHAVU_010G1404000g
PvABCC152	XP_007135572.1	PHAVU_010G140600g
PvABCG153	XP_007135636.1	PHAVU_010G145600g
PvABCG154	XP_007135719.1	PHAVU_010G152500g
PvABCG155	XP_007131552.1	PHAVU_011G022900g
PvABCG156	XP_007131554.1	PHAVU_011G023000g
PvABCG157	XP_007131555.1	PHAVU_011G023100g
PvABCG158	XP_007132291.1	PHAVU_011G082400g
PvABCF159.1	XP_007132309.1	PHAVU_011G084000g
PvABCF159.2	XP_007132310.1	PHAVU_011G084000g
PvABCB160	XP_007132962.1	PHAVU_011G139800g
PvABCG161	XP_007133073.1	PHAVU_011G149300g
PvABCI162	YP_009709891.1	GH805_mgp21
PvABCC163	CBX25010.1	
PvABCG164	AGV54674.1	

**APÊNDICE B - Estruturas éxons e íntrons dos genes PvABC. Éxons, íntrons e regiões *upstream/downstream* são ilustrados em cor amarela, linha cinza e cor azul, respectivamente.**



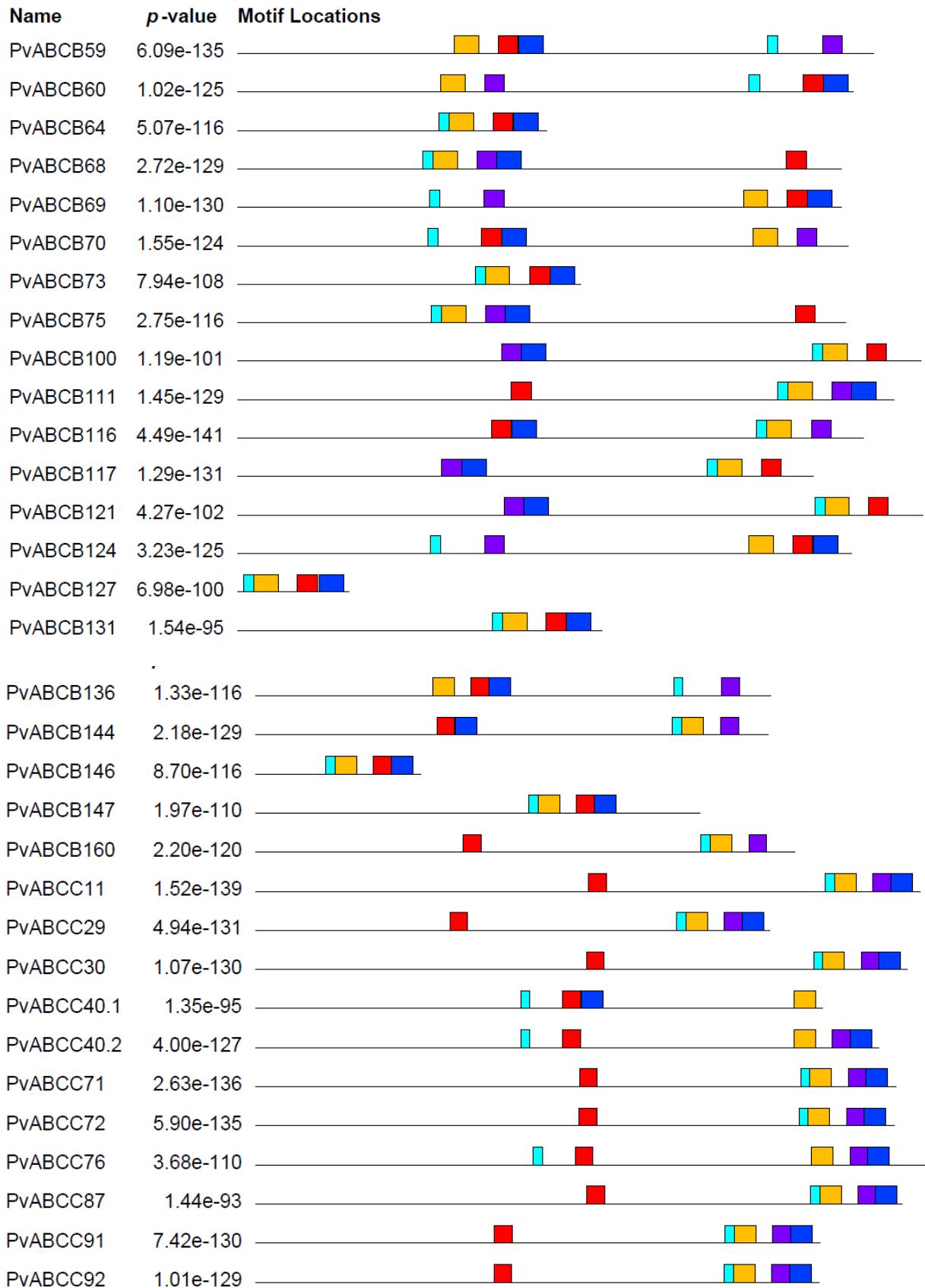


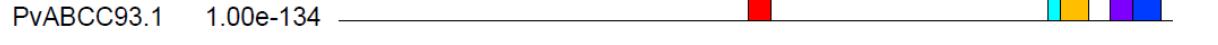
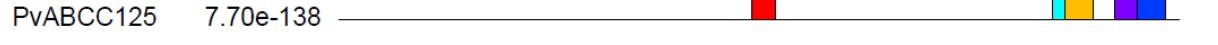
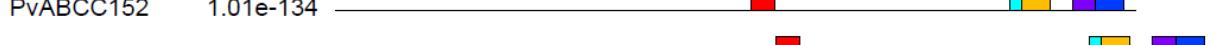




### APÊNDICE C - Motivos conservados das proteínas PvABC.

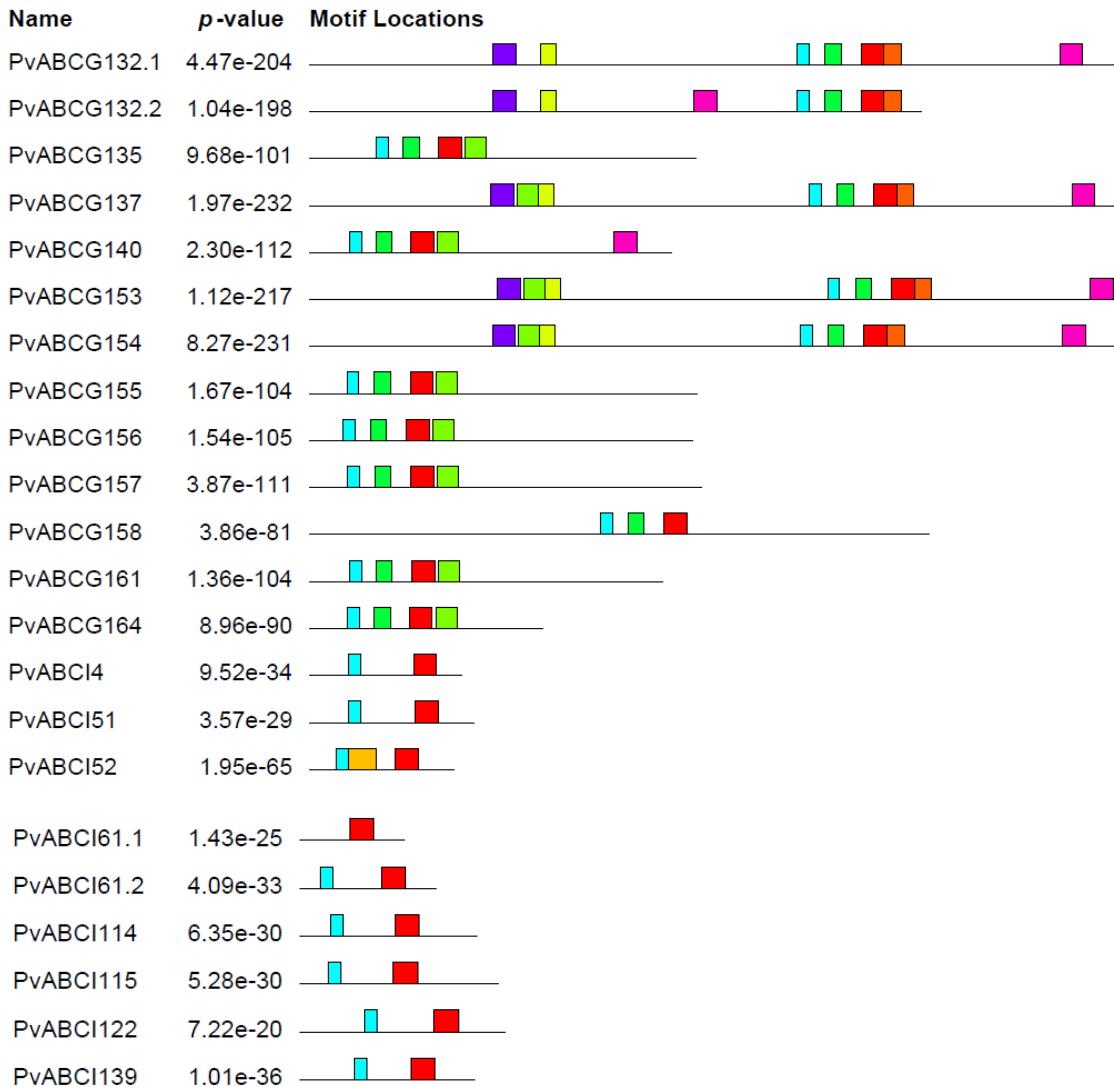
Name	p-value	Motif Locations
PvABC8	1.27e-22	
PvABC9	3.08e-41	
PvABC10	7.69e-10	
PvABC65	1.26e-42	
PvABC142	9.77e-39	
PvABC141	1.07e-41	
PvABCB1	1.37e-126	
PvABCB24	5.34e-128	
PvABCB31	1.13e-133	
PvABCB33	2.69e-125	
PvABCB37	1.05e-128	
PvABCB39	2.57e-103	
PvABCB46	1.63e-132	
PvABCB47	1.01e-133	
PvABCB57	1.13e-139	
PvABCB58	1.23e-136	



Name	p-value	Motif Locations
PvABCC93.1	1.00e-134	
PvABCC93.2	1.16e-134	
PvABCC97	1.51e-109	
PvABCC103	5.05e-136	
PvABCC104	9.16e-133	
PvABCC110	1.28e-129	
PvABCC113	1.21e-139	
PvABCC125	7.70e-138	
PvABCC128	8.16e-123	
PvABCC129	2.04e-138	
PvABCC133	2.09e-107	
PvABCC143	5.36e-131	
PvABCC145	1.78e-129	
PvABCC148	2.68e-130	
PvABCC149	6.95e-122	
PvABCC151	4.17e-134	
.	.	.
PvABCC152	1.01e-134	
PvABCC163	1.52e-139	
PvABCD32	3.23e-31	
PvABCD48	3.21e-31	
PvABCD49	6.12e-29	
PvABCD78	6.62e-34	
PvABCD79	1.06e-34	
PvABCF36	1.73e-33	
PvABCF82	1.43e-45	
PvABCF88	1.71e-41	
PvABCF98	4.25e-44	
PvABCF138	4.85e-41	
PvABCF159.1	3.34e-46	
PvABCF159.2	1.43e-46	
PvABCG2	5.71e-230	
PvABCG3.1	4.34e-228	







Motif	Symbol	Motif Consensus
1.		GLSGGQRQRVSIARELLABPSILLDEPTSGLDARSAIVM
2.		GELVAJVGPGSGKSTLJDVL
3.		AILGRTVVJSJHQPSPETYELFDDJILLSEGQIVYQG
4.		LSGGQKQRVTLGRAJLKPPKILLDEATTGLDSSTTFQIQK
5.		FRFYEPPTSGKILIDGIBISSJGLKDLRSKJGJVPQEPTLFEGTIRENJD
6.		SGYVEQDDIHSPLTVETTLFLFSAWLRLP
7.		AJRREFADRTVITIAHRJSTVRBADMILVJSDGKIVEYGTHSELLKDKSS
8.		FSGFIIPRPRIPVWWRWYYWISPVAWTLYGLVTSZYGDIKW
9.		RTVRNTVDTGRTVVCTIHQPSIDIFEAFDEL
10.		PREYVLEFFZSMGFQCPERKGVADFLQE