

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO PIAUÍ – UESPI
CENTRO INTEGRADO DE EDUCAÇÃO SUPERIOR ARISTON DIAS LIMA
LICENCIATURA EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS**

LORENA NUNES DA SILVA

**CARACTERIZAÇÃO *IN SILICO* DA FAMÍLIA MC (MITOCHONDRIAL CARRIER)
EM *Phaseolus vulgaris***

**SÃO RAIMUNDO NONATO – PI
2025**

LORENA NUNES DA SILVA

**CARACTERIZAÇÃO *IN SILICO* DA FAMÍLIA MC (*MITOCHONDRIAL CARRIER*) EM
*Phaseolus vulgaris***

Trabalho de Conclusão de Curso
apresentado ao Curso de Licenciatura em
Ciências Biológicas da Universidade
Estadual do Piauí em São Raimundo Nonato,
como parte dos requisitos para a obtenção
do grau de Licenciado em Ciências
Biológicas.

Orientadora: Dra. Maria Fernanda da Costa Gomes

**SÃO RAIMUNDO NONATO - PI
2025**

S586c Silva, Lorena Nunes da.

Caracterização in silico da família MC (mitochondrial carrier)
em Phaseolus vulgaris / Lorena Nunes da Silva. - 2025.
48f.: il.

Monografia (graduação) - Universidade Estadual do Piauí -
UESPI, Campus Prof. Ariston Dias Lima, Licenciatura em Ciências
Biológicas, 2025.

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

1. Transportadores MC. 2. Feijão Comum. 3. Bioinformática. I.
Gomes, Maria Fernanda da Costa . II. Título.

CDD 631.53.4

Ficha elaborada pelo Serviço de Catalogação da Biblioteca da UESPI
JOSÉ EDIMAR LOPES DE SOUSA JÚNIOR (Bibliotecário) CRB-3^a/1512

DEDICATÓRIA

Dedico este trabalho aos meus pais, que sob muito sol, fizeram-me chegar até aqui, na sombra.

AGRADECIMENTOS

Em primeiro lugar, quero expressar minha mais profunda gratidão a Deus, a fonte inesgotável de força, sabedoria e coragem que ilumina meu caminho. Foi Ele quem me sustentou nos momentos de cansaço, dúvida e solidão, quando as sombras óbvias se aproximavam e a esperança se tornava escassa. Sem Sua presença constante em minha vida, nada disso teria sido possível. A cada desafio enfrentado, a fé se tornou meu alicerce, uma âncora que me manteve firme em meio às tempestades. A Ele, minha eterna gratidão, por ser meu guia e meu consolo.

Aos meus amados pais, José Odon e Maria, minha eterna gratidão. Nada do que conquistei até aqui teria sido possível sem o amor incondicional, o apoio constante e a força silenciosa que sempre recebi de vocês. Vocês foram e sempre serão meu porto seguro, a base sólida sobre a qual construí meus sonhos. Desde o início desta jornada, cada passo que dei foi sustentado pelo esforço, pela renúncia e pelo carinho com que sempre me cercaram. Sei que a distância física entre nós foi um dos maiores desafios desta trajetória. Foram muitos os dias de saudade, incertezas e solidão. Em diversos momentos, pensei em desistir, mas o amor de vocês sempre me encontrou, mesmo de longe. Como um abraço invisível, mas real, que me acolhia nos dias difíceis, renovando minhas forças e minha fé. Agradeço por cada sacrifício feito em nome do meu futuro, por cada palavra de incentivo, por cada gesto silencioso de apoio e, principalmente, por cada oração. Esses gestos, ainda que simples, foram essenciais para que eu pudesse seguir em frente. O sonho que hoje se realiza não é apenas meu, é nosso. Cada conquista alcançada carrega um pouco de tudo o que vocês me deram: coragem, fé, dedicação e amor. Obrigada por acreditarem em mim, mesmo nos momentos em que eu mesma duvidei.

À minha irmã, Auriene, minha eterna companheira de jornada, deixo minha mais profunda e amorosa gratidão. Sua presença ao meu lado foi um alicerce inabalável ao longo de todo esse processo. Em meio às incertezas, ao cansaço e às inúmeras dúvidas que surgiram pelo caminho, você foi minha voz de consciência, meu abrigo nos dias difíceis e minha força quando tudo em mim queria desistir. E, sim, houve muitos momentos em que pensei em voltar atrás, em deixar tudo e simplesmente voltar para casa... Mas você nunca permitiu que eu esquecesse do meu propósito. Esteve firme, acreditando em mim mesmo quando eu já não conseguia. Obrigada por cada gesto de amor, por cada palavra de incentivo, por cada lágrima enxugada e

pelas risadas que tornaram o fardo mais leve. Ter você comigo fez toda a diferença. Sua dedicação, sua paciência e sua fé em mim me sustentaram em silêncio, dia após dia.

À minha amiga querida Andrelina, que também percorreu esse caminho comigo desde o início, meu coração transborda de gratidão. Obrigada por cada gesto de companheirismo, por cada sorriso, por cada conversa, e por cada incentivo que me animava mesmo nos dias mais exaustivos. Sua presença tornou tudo mais leve e suportável, e compartilhar essa trajetória com você foi um privilégio que guardarei para sempre em meu coração.

À minha orientadora, Professora Maria Fernanda, expressei minha sincera e profunda gratidão. Obrigada por aceitar me orientar, por cada conselho que me guiou, por cada observação atenta que me fez crescer e por cada ensinamento transmitido com tanta generosidade. Sua paciência, dedicação e comprometimento foram fundamentais para que este trabalho tomasse forma e se tornasse realidade. Seu apoio foi um verdadeiro farol ao longo do meu percurso acadêmico, iluminando os caminhos que, muitas vezes, deixam de ser obscuros.

Faço um agradecimento especial a Gilson Filho e à Dona Maria (*in memoriam*), que foram parte essencial desta jornada. A vocês, minha gratidão sincera por todo apoio, carinho e incentivo ao longo desse caminho. Em especial à Dona Maria, cuja lembrança permanece viva e luminosa em meu coração. Seu acolhimento generoso, sempre acompanhado de um cafezinho quente, tinha o poder de revigorar não apenas o corpo, mas também a alma. Suas palavras, sempre cheias de sabedoria e ternura, me tocaram profundamente e me ajudaram a encontrar forças quando mais precisei. Lembro-me da nossa última conversa, da sua alegria ao saber que tudo estava dando certo, do brilho nos seus olhos e da esperança que transmitia com tanta leveza. Sua presença continua viva em minhas lembranças, nos pequenos gestos do cotidiano e, sobretudo, em cada conquista que alcanço. Obrigada, Dona Maria, por tudo o que fez por mim. Por cada gesto de amor silencioso, por cada conselho, por cada momento de acolhimento que, mesmo sem perceber, me impulsionou a seguir em frente.

Ao corpo docente da Universidade Estadual do Piauí (UESPI), minha gratidão é imensa por cada aula ministrada, por cada conteúdo compartilhado e, principalmente, pelo compromisso com a formação de profissionais críticos, éticos e

comprometidos com a transformação da sociedade. Cada professor e professora deixou uma marca indelével em minha trajetória, contribuindo não apenas para a construção do meu conhecimento acadêmico, mas também para a formação da pessoa que sou hoje. Vocês foram fundamentais na minha jornada, e sou eternamente grato por cada ensinamento.

A todos que, de alguma forma, fizeram parte dessa caminhada, seja com uma palavra amiga, um gesto de apoio ou mesmo uma oração silenciosa, meu mais profundo obrigada. Ninguém caminha sozinho, e essa conquista é resultado de uma rede de amor, incentivo e solidariedade que me envolveu e me sustentou. Cada um de vocês é uma parte essencial dessa história, e sou grata por cada um.

Quando algo é importante o
suficiente, você realiza,
mesmo que as chances não
estejam a seu favor.

- Elon Musk.

RESUMO

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) é uma leguminosa de grande importância econômica, amplamente cultivada e consumida em várias regiões do mundo. No entanto, seu cultivo enfrenta desafios devido à exposição a diversos tipos de estresses, como seca, salinidade e pragas, que podem comprometer sua produtividade e qualidade. A família gênica de transportadores MC (*Mitochondrial carrier*) é essencial na resposta das plantas a estresses abióticos, como seca, salinidade e frio. No entanto, há uma carência de informações sobre a família MC em *P. vulgaris*. Assim, objetivou-se identificar e caracterizar genes e proteínas MC no genoma e proteoma do feijão comum utilizando ferramentas de bioinformática. A identificação dessas proteínas ocorreu via BLASTp (e-value < e-10) no proteoma de *P. vulgaris* alojado no NCBI. As sequências peptídicas identificadas foram analisadas no HMMER e InterProScan para confirmação do domínio proteico. O peso molecular e ponto isoelétrico foram determinados no ExPASy, enquanto a localização subcelular ocorreu no DeepLoc. A caracterização gênica envolveu a determinação do número de exons e a localização cromossômica foi realizada via NCBI e TbTools, os motivos proteicos foram preditos no MEME. Já a análise filogenética com as proteínas MC de *A. thaliana* e *P. vulgaris* foi feita nos softwares MAFFT e IQTree. Foram identificadas 80 proteínas PvMC (tamanho entre 127 e 812 aa), correspondentes a 74 genes de *P. vulgaris*. O peso molecular alternou entre 14100,39 (PvMC 64) a 39790,21 Da (PvMC 4) e o ponto isoelétrico variou de 5,44 (PvMC 61a) a 9,99 (PvMC 25). A maioria das proteínas PvMC (97,5%) é encontrada na mitocôndria, embora uma foi prevista ocorrendo no peroxissomo e outra no plastídeo. Os genes PvMC possuem de 1 a 13 exons e estão distribuídos em todos os cromossomos de *P. vulgaris*. O número de genes por cromossomo variou de 3 (cromossomo 11) e 14 (cromossomo 2). As PvMC tiveram entre 0 e 8 regiões transmembranas. Na análise do MEME foram identificados 10 motivos conservados, sendo os motivos 2, 1 e 3 os mais conservados e o motivo 10 o menos conservado. A análise filogenética foi feita utilizando 74 proteínas MC de *P. vulgaris* e 25 proteínas MC caracterizadas de *A. thaliana*. Na árvore filogenética as proteínas foram divididas em quatro subfamílias principais: nucleotídeos e dinucleotídeos; di-/tri-carboxilatos e cetoácidos; aminoácidos; e outros substrato e subdividida em 10 subgrupos: AAC, APC, NDT, ORNITHINE, DIC, DTC, UCP, SFC, SAMC e MRS. Vários MCs caracterizados de *A. thaliana* e outras espécies estão envolvidos em funções essenciais bem como na resposta das plantas a estresses bióticos e abióticos. Assim, a identificação e caracterização da família MC aqui apresentada, fornece informações úteis aos programas de melhoramento de *P. vulgaris*.

Palavras-chave: transportadores MC; feijão comum; bioinformática.

ABSTRACT

The common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is a legume of great economic importance, widely cultivated and consumed in various regions of the world. However, its cultivation faces challenges due to exposure to various types of stresses, such as drought, salinity, and pests, which can compromise its productivity and quality. The MC (*mitochondrial carrier*) gene family is essential in the plant's response to abiotic stresses, such as drought, salinity, and cold. However, there is a lack of information on the MC family in *P. vulgaris*. Therefore, we aimed to identify and characterize MC genes and proteins in the genome and proteome of the common bean using bioinformatics tools. These proteins were identified via BLASTp (e-value < e-10) in the *P. vulgaris* proteome hosted at NCBI. The identified peptide sequences were analyzed in HMMER and InterProScan to confirm the protein domain. The molecular weight and isoelectric point were determined in ExPASy, while the subcellular localization was performed in DeepLoc. Gene characterization involved the determination of the number of exons and the chromosomal localization was performed via NCBI and TbTools, the protein motifs were predicted in MEME. The phylogenetic analysis with the MC proteins of *A. thaliana* and *P. vulgaris* was performed in the MAFFT and IQTree software. Eighty PvMC proteins (size between 127 and 812 aa) were identified, corresponding to 74 *P. vulgaris* genes. The molecular weight ranged from 14,100.39 (PvMC 64) to 39,790.21 Da (PvMC 4), and the isoelectric point ranged from 5.44 (PvMC 61a) to 9.99 (PvMC 25). Most PvMC proteins (97.5%) are found in mitochondria, although one was predicted to occur in the peroxisome and another in the plastid. PvMC genes have 1 to 13 exons and are distributed throughout all *P. vulgaris* chromosomes. The number of genes per chromosome ranged from 3 (chromosome 11) to 14 (chromosome 2). PvMCs had between 0 and 8 transmembrane regions. The MEME analysis identified 10 conserved motifs, with motifs 2, 1, and 3 being the most conserved, and motif 10 being the least conserved. Phylogenetic analysis was performed using 74 *P. vulgaris* MC proteins and 25 characterized *A. thaliana* MC proteins. In the phylogenetic tree, the proteins were divided into four main subfamilies: nucleotides and dinucleotides; di-/tri-carboxylates and ketoacids; amino acids; and other substrates and subdivided into 10 subgroups: AAC, APC, NDT, ORNITHINE, DIC, DTC, UCP, SFC, SAMC, and MRS. Several characterized MCs from *A. thaliana* and other species are involved in essential functions as well as in the plant response to biotic and abiotic stresses. Thus, the identification and characterization of the MC family presented here provides useful information for *P. vulgaris* breeding programs.

Keywords: MC transporters; common bean; bioinformatics.

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO.....	12
2	REFERENCIAL TEÓRICO.....	14
2.1	FEIJÃO COMUM (<i>Phaseolus vulgaris</i>).....	14
2.2	FAMÍLIA MC (Mitochondrial Carrier).....	18
2.3	BIOINFORMÁTICA.....	22
3	OBJETIVOS.....	27
3.1	OBJETIVO GERAL.....	27
3.2	OBJETIVOS ESPECÍFICOS.....	27
4	MATERIAIS E MÉTODOS.....	28
5	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	30
6	CONCLUSÃO.....	39
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	40

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

AAC (*ADP/ATP carrier*)
ABA (Abscisic acid)
APC (*ATP-Mg/Pi carrier*)
BAC2 (Basic Amino Acid Carrier 2)
BLAST (Basic Local Alignment Search Tool).
DIC (*Dicarboxylate carrier*)
DNA (deoxyribonucleic acid)
DTC (Di-/tri-carboxylate carrier)
GSDS (Gene Structure Display Server)
IMM (Inner mitochondrial membrane)
IMS (Intermembrane space)
MC (*Mitochondrial Carrier*)
MM (Mitochondrial matrix)
NCBI (National Center for Biotechnology Information)
NDT (*NAD+ carrier*)
OAA (Oxaloacetate)
OMM (Outer mitochondrial membrane)
ORNITHINE/ORC (*Ornithine carrier*)
PIC (*Phosphate carrier*)
SAMC (*S-adenosylmethionine carrier*)
SFC (*Succinate/fumarate carrier*)
TAIR (The Arabidopsis Information Resource)
TCA (*Tricarboxylic acid*)
UCP (*Uncoupling protein*)
UniProt (Universal Protein Resource)
UniProtKB (Universal Protein Resource Knowledgebase)

1 INTRODUÇÃO

As proteínas MC (*Mitochondrial Carrier*) pertencem a uma extensa família de transportadores da membrana interna mitocondrial, responsáveis pelo transporte de diversos metabólitos entre o citosol e a matriz mitocondrial. Embora a maioria dessas proteínas estejam localizadas nas mitocôndrias, elas também podem ser encontradas em outras organelas celulares (Mi-Ichi *et al.*, 2015). Essas proteínas desempenham funções essenciais, transportando moléculas, como metabólitos, nucleotídeos, cofatores e ânions inorgânicos, o que é crucial para a regulação das funções tanto das mitocôndrias quanto do citoplasma (Taylor, 2017).

As características específicas de suas sequências permitiram a identificação de seus genes em diversos organismos, por exemplo, são conhecidos 53 genes em *Homo sapiens*, 35 em *Saccharomyces cerevisiae* e 60 em *Arabidopsis thaliana*. Essa diversidade destaca a importância das proteínas MC na manutenção da homeostase celular e na adaptação a diferentes condições fisiológicas (Monné *et al.*, 2023).

Além de suas funções básicas de transporte, as proteínas MC desempenham um papel crucial na adaptação das células a condições de estresse. Elas são reguladas por diversos sinais celulares e podem alterar sua atividade em resposta a estresses bióticos, como infecções por patógenos, e abióticos, como salinidade e seca (Nunes, 2010).

O feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.), é uma das leguminosas mais importantes economicamente, cultivada e consumida em todo o mundo (Uebersax *et al.*, 2023). Esta leguminosa é considerada uma fonte de proteína de baixo custo, o que a torna acessível a pessoas em países em desenvolvimento. Além disso, os grãos possuem grande valor nutricional, composto principalmente por carboidratos, proteínas e lipídios, além de vitaminas, minerais e compostos não nutricionais como compostos fenólicos, saponinas, taninos, entre outros (Cid-Gallegos *et al.*, 2023).

O cultivo do feijão comum enfrenta diversos desafios, especialmente devido à influência de estresses bióticos e abióticos que comprometem sua produtividade (Lobaton *et al.*, 2018). Entre os estresses bióticos que afetam a cultura, destacam-se doenças causadas por bactérias, como crestamento bacteriano comum (*Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*), além de infecções fúngicas, viroses, pragas de insetos e nematóides. Já os principais estresses abióticos incluem a seca, altas e

baixas temperaturas, bem como deficiências ou toxicidades de nutrientes no solo (Assefa *et al.*, 2019).

Devido sua importância socioeconômica, os estudos sobre a cultura do feijão comum têm como principal objetivo o melhoramento genético da espécie, com foco no desenvolvimento de cultivares mais resistentes a estresses bióticos e abióticos. Além disso, busca-se obter variedades que produzam grãos com elevado valor nutricional e características superiores (Tavares, 2023).

Diante disso, torna-se fundamental identificar e caracterizar as famílias gênicas de proteínas envolvidas na resposta a estresses em plantas, pois isso contribui na compreensão de suas funções e oferece subsídios importantes para os programas de melhoramento genético voltados à obtenção de cultivares mais adaptadas às condições ambientais adversas (Kang *et al.*, 2019). Nesse sentido, o uso de ferramentas de bioinformática tem se mostrado indispensável, pois permite a análise, manipulação e interpretação de grandes volumes de dados biológicos, otimizando o processamento das informações geradas em estudos de genômica, transcriptômica e outras abordagens aplicadas à biotecnologia vegetal (Damião, 2019).

Considerando o papel da família de transportadores MC no desenvolvimento vegetal e na resposta à estresses, bem como a importância socioeconômica do feijão comum, este trabalho teve como objetivo realizar uma caracterização detalhada da estrutura gênica e proteica, bem como predição de função dessa família gênica em *P. vulgaris* por meio de técnicas de bioinformática.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

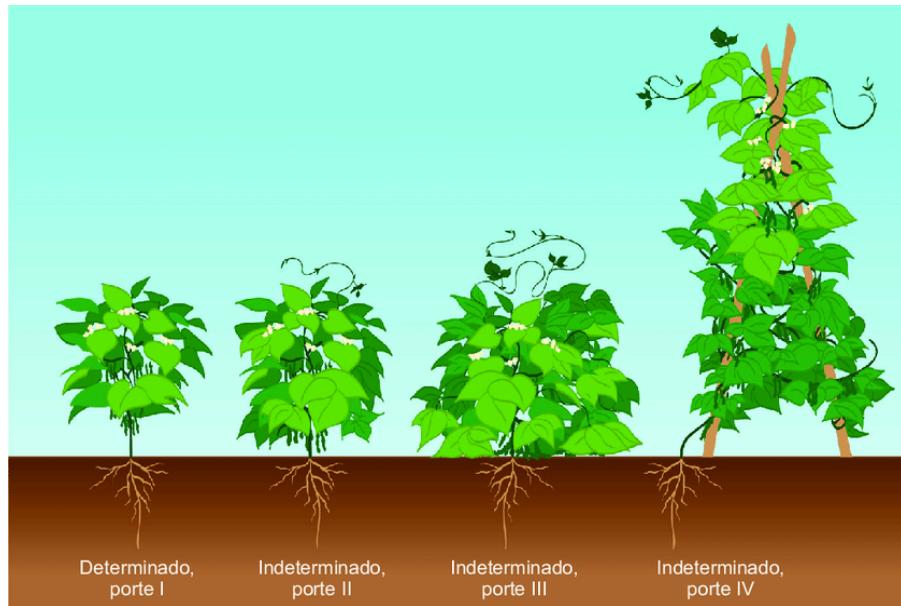
2.1 FEIJÃO COMUM (*Phaseolus vulgaris*)

O feijão comum (*P. vulgaris*) é uma dicotiledônea herbácea pertencente à família botânica Fabaceae (Lima, 2020). É considerada a terceira maior família de plantas com flores, com aproximadamente 19.500 espécies e 770 gêneros, podendo ser encontrada em todos os biomas do mundo, exceto na Antártida e no alto Ártico (Maroyi, 2023). A família Fabaceae é bastante diversa e abrange uma ampla variedade de formas de vida, incluindo árvores, arbustos, subarbustos, lianas lenhosas, trepadeiras de ciclo anual, além de espécies herbáceas e aquáticas (Hasanuzzaman; Araújo; Gill, 2020).

Dentre os gêneros pertencentes à família, o gênero *Phaseolus* comprehende cerca de 55 espécies, no Brasil, uma das espécies mais relevantes é o feijão comum (*P. vulgaris*) (Oliveira et al., 2025), devido a sua grande importância econômica e social (Fernandes et al., 2020).

O genoma do feijão comum é constituído por 11 cromossomos, com cerca de 34 mil genes e um genoma com aproximadamente 537,5 Mb de acordo com o NCBI (2024). Segundo Dias (2021), o feijão é uma leguminosa que apresenta grande polimorfismo nas características de crescimento, tamanho, cor da flor, frutos e sementes. O sistema radicular do feijão é do tipo pivotante e atinge aproximadamente 1 m de altura. Quanto ao seu hábito de crescimento (Figura 1) pode ser determinado (ereto) ou indeterminado (semi ereto, prostrado e trepador) (Galdino, 2020).

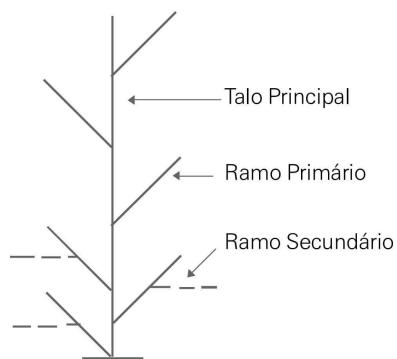
Figura 1. Hábitos de crescimento e porte de plantas em feijão comum.



Fonte: Carbonell; Chiorato; Bezerra (2021).

O caule da planta do feijão comum possui uma haste principal, da qual surgem ramos laterais que se desenvolvem nas axilas das folhas. Os ramos primários se formam diretamente da haste principal, enquanto os ramos secundários se originam dos primários (Figura 2). Essa estrutura varia conforme a morfologia da planta e o seu tipo de crescimento (Lima, 2020).

Figura 2. Ramificações da haste do feijão.

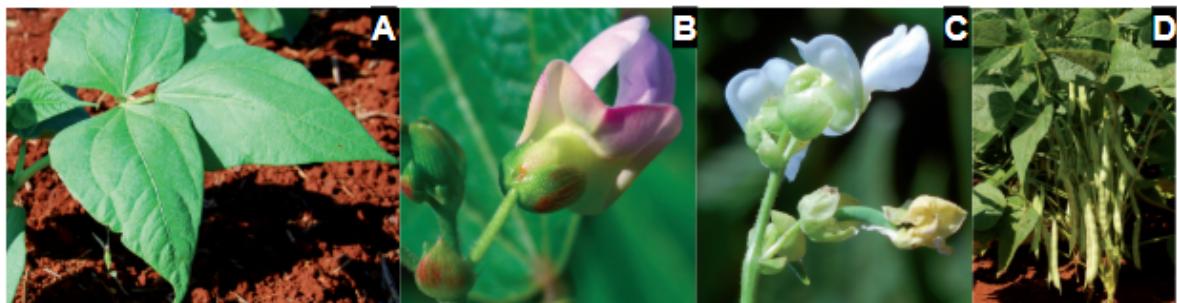


Fonte: Kluthcouski (2009).

O *P. vulgaris* apresenta como características folhas simples, opostas, alternas e composta por três folólos (Gomes, 2021). As flores estão dispostas em inflorescências, contendo corola com cinco pétalas: uma mais externa e maior, chamada de estandarte, duas laterais menores e estreitas e duas inferiores,

envolvendo os órgãos reprodutivos, a quilha. A coloração da corola pode variar entre branco, rosa ou roxa (violeta), podendo apresentar coloração uniforme por toda a corola, ou ser bicolor (Figura 3) (Santos, 2019).

Figura 3. Características morfológicas do *P. vulgaris*: (A) folhas da planta, (B e C) variações na cor das flores e (D) vagem verde do feijão.



Fonte: Adaptado de Oliveira (2018).

Outra característica importante da cultura do feijão é a fixação de nitrogênio atmosférico através de bactérias do gênero *Rhizobium*, presentes nos nódulos radiculares. Essa condição é importante pelo benefício econômico e ambiental, pois reduz o número de fertilizantes necessários para as próximas culturas (Braga, 2020).

O feijão comum é cultivado em regiões de clima temperado e subtropical, sendo uma das culturas mais importantes globalmente, consumida diretamente na alimentação humana e produzida em todos os continentes (Franciscon *et al.*, 2014). A produção mundial ocupa aproximadamente 30 milhões de hectares, com destaque para a África e a América Latina. Países como México, China, Índia e Brasil lideram a produção, tornando o feijão uma *commodity* agrícola de grande relevância econômica (Coêlho, 2021). Na África, o feijão é fundamental para a subsistência de pequenos produtores rurais e uma das culturas mais negociadas nos mercados internacionais de grãos (Broughton *et al.*, 2003).

O feijão comum é o alimento mais popular no país, presente em 94% das dietas brasileiras, sendo uma fonte essencial de proteínas, ferro, fibras, vitaminas do complexo B, zinco e magnésio (Vinholis *et al.*, 2019; Lima, 2017). O Brasil é um dos maiores produtores e consumidores mundiais, com produção concentrada nos estados do Paraná, Minas Gerais, Bahia, Goiás e Mato Grosso (CONAB, 2022).

Na região nordeste, o feijão desempenha um papel socioeconômico significativo, sendo um alimento tradicional na dieta da população e uma peça fundamental nos sistemas agrícolas da região. A agricultura familiar é a principal responsável por essa produção, com o cultivo realizado, em sua maioria, por pequenos produtores, embora também inclua médios e grandes agricultores. Seu alto valor nutricional permite que o feijão seja consumido tanto na forma de grãos secos quanto ainda verdes, ampliando suas opções de uso na alimentação e contribuindo para a segurança alimentar das comunidades rurais (Oliveira, 2023).

Entretanto, o feijão comum é uma cultura suscetível a estresses ambientais bióticos e abióticos, que limitam a sua produtividade e reduzem a qualidade comercial dos grãos. A temperatura é um dos fatores que afeta diretamente o desenvolvimento da cultura em diferentes estádios fisiológicos, principalmente o florescimento e a frutificação, visto que a planta do feijão é sensível a altas e baixas temperaturas (Pereira *et al.*, 2014).

Os estresses hídrico e salino também são fatores que impactam a produção do feijão comum. Quando a salinidade do solo aumenta, a planta enfrenta dificuldades para absorver água, o que leva a uma redução na condutância estomática. Assim a planta perde menos água, mas também tem uma menor entrada de CO₂ nas folhas, o que pode afetar seu crescimento e desenvolvimento (Oliveira *et al.*, 2017).

Além disso, o feijão é suscetível a diversas doenças, incluindo fúngicas, bacterianas e viróticas, cuja incidência pode levar a perdas significativas na produção (Furlan, 2020). As principais doenças fúngicas que afetam a parte aérea do feijão incluem a antracnose, a mancha angular e a ferrugem. Em relação às doenças bacterianas, as mais comuns são o crestamento bacteriano comum e a murcha causada por *Curtobacterium*. Entre os vírus que frequentemente afetam as plantas de feijão, destacam-se o vírus do mosaico comum, o vírus do mosaico dourado e o Carlavirus (Lima, 2024).

O feijão comum enfrenta muitos desafios em seu cultivo, principalmente por conta dos estresses causados por fatores bióticos e abióticos, que comprometem seu desenvolvimento produção (Elias, 2017). Diante disso, é essencial entender como essa planta reage a essas adversidades, buscando conhecer os melhores mecanismos que ajudam na sua defesa e adaptação. O estudo de famílias gênicas

relacionadas a essas respostas, com o uso de ferramentas de bioinformática, se apresenta como um caminho promissor (Ferreira, 2017).

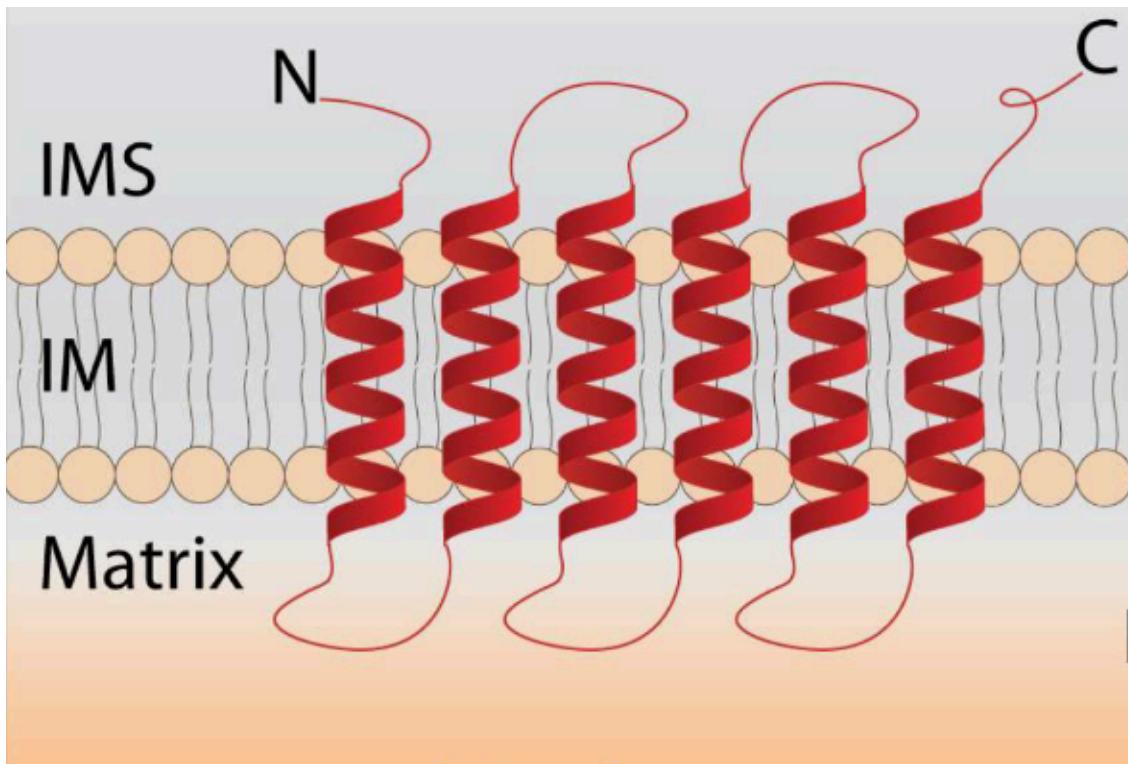
2.2 FAMÍLIA MC (*Mitochondrial Carrier*)

Há cerca de 1,5 bilhão de anos, uma bactéria ancestral do grupo α-proteobactéria entrou em simbiose com uma célula ancestral eucariótica, resultando na formação das mitocôndrias. Desde então, os processos metabólicos envolvendo múltiplos compartimentos da célula são facilitados por proteínas transportadoras transmembrana específicas (Gray; Burger; Lang, 2018).

O transporte intracelular de metabólitos mitocondriais desempenha um papel crucial na respiração celular, abrangendo o ciclo do ácido tricarboxílico (TCA), a fosforilação oxidativa, a biossíntese de aminoácidos, a biossíntese de ácidos graxos, a fotorrespiração e a fotossíntese C4. Os intermediários metabólicos dessas vias atravessam a membrana dupla da mitocôndria, que divide a mitocôndria em quatro subcompartimentos distintos: a membrana mitocondrial externa (OMM), o espaço intermembranar (IMS), a membrana mitocondrial interna (IMM) e a matriz mitocondrial (MM) (Toleco, 2020).

Os transportadores mitocondriais são uma ampla família de proteínas incorporadas à membrana, localizadas principalmente na membrana interna das mitocôndrias (Figura 4). Devido à membrana ser altamente impermeável, apenas algumas moléculas neutras, como o oxigênio e o dióxido de carbono, conseguem atravessá-la sem auxílio de proteínas. Com isso, as proteínas MC desempenham um papel essencial ao conectar as reações metabólicas do citosol com a matriz mitocondrial, promovendo o transporte de diversos solutos através da membrana (Palmieri, 2013).

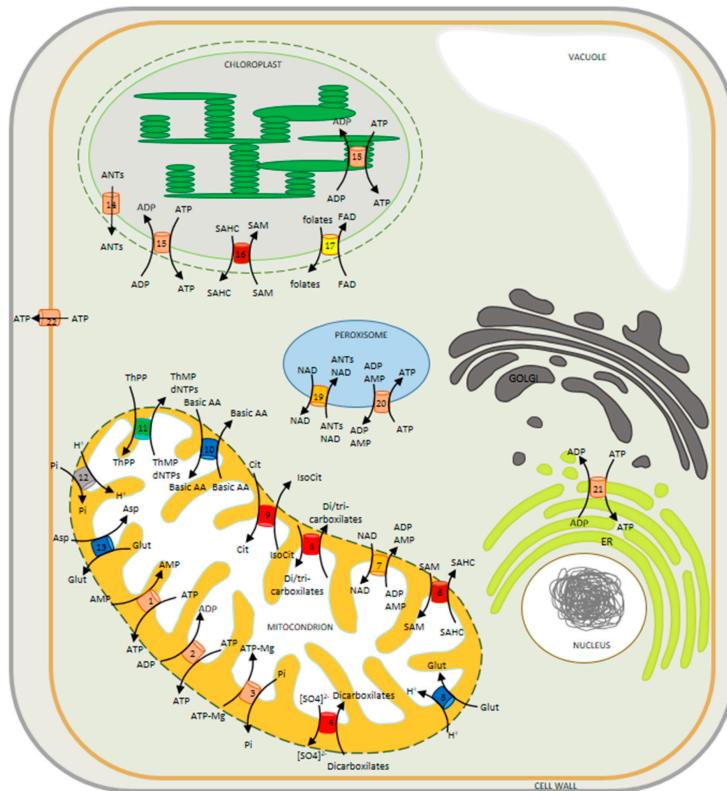
Figura 4. Família de carreadores mitocondriais localizados na membrana interna, responsáveis pelo transporte de metabólitos entre a matriz e o espaço intermembrana.



Fonte: Adaptado de Horten; Colina-Tenório; Rampelt (2020).

Apesar de pertencerem à mesma família e apresentarem estruturas semelhantes, essas proteínas catalisam o transporte altamente específico de uma ampla variedade de substratos, como nucleotídeos, aminoácidos, dicarboxilatos, tricarboxilatos, cofatores, vitaminas, fosfatos e prótons (H^+). Embora sejam chamadas de transportadores mitocondriais, nem todos estão restritos às mitocôndrias, sendo também descritos na membrana plasmática, nos peroxissomos, cloroplastos, tilacóides e até no retículo endoplasmático (Figura 5) (Nunes-Nesi et al., 2020).

Figura 5. Localização subcelular de membros MC.



Fonte: Nunes-Nesi; Cavalcanti; Fernie (2020).

Historicamente, os primeiros estudos sobre esses transportadores utilizaram métodos como medição da distribuição de compostos radioativos e observação de alterações em propriedades ópticas e redox. O primeiro transportador identificado foi o de ADP/ATP (AAC), purificado de mitocôndrias de coração bovino na década de 1970. Desde então, mais de 50 novos transportadores mitocondriais foram caracterizados, com os avanços no sequenciamento genômico facilitando sua identificação em modelos como *A. thaliana* (Palmieri, 2016).

Segundo Haferkamp; Schmitz-Esser (2012), às proteínas da família MC originaram-se de uma sequência ancestral que, após fusões e duplicações, formou um módulo com duas hélices transmembranares. Duas duplicações adicionais resultaram em uma estrutura com três repetições, característica da proteína ancestral da família MCF. Essa organização tripla se manteve conservada ao longo da evolução, permitindo a diversificação funcional das proteínas atuais.

A maioria dos membros dessa família são relativamente pequenos, variando de 30 a 35 kDa e cerca de 300 aminoácidos de comprimento e possuem uma região conservada de seis hélices α transmembrana. A maior parte da estrutura primária

dos MCs é composta por três regiões homólogas, cada uma com aproximadamente 100 aminoácidos de comprimento e ambos os terminais N e C estão voltados para o espaço intermembranar (Toleco, 2020).

Cada uma dessas regiões repetidas contém dois segmentos transmembranares, que cercam uma pequena hélice disposta paralelamente à bicamada lipídica. Essas repetições são formadas por duas hélices α transmembrana hidrofóbicas conectadas por uma alça hidrofílica voltada para a matriz da mitocôndria. Além disso, cada uma dessas regiões carrega um motivo estrutural característico da superfamília de transportadores mitocondriais, identificado como IPR023395 (Monné *et al.*, 2019). Nas hélices α de número ímpar, encontra-se o motivo conservado PX[DE]XX[RK], cujos resíduos carregados são capazes de formar pontes salinas entre os domínios. Os resíduos envolvidos na formação das pontes salinas estabelecem ligações de hidrogênio com um resíduo de glutamina localizado nas proximidades, o que contribui para a estabilização da rede. Já nas hélices α de número par, encontra-se outro motivo conservado, [YF][DE]xx[KR], capaz de formar uma segunda rede de pontes salinas, denominada rede citoplasmática. Essa, por sua vez, é formada por ligações de hidrogênio envolvendo o resíduo de tirosina presente no motivo (Ruprecht; Kunji, 2020).

Em *A. thaliana*, foram identificadas 60 proteínas da família MC, no entanto, estudos *in vitro* apontam diferentes especificidades de substrato, e sua função fisiológica na planta ainda não está completamente elucidada (Lee; Millar, 2016). Segundo Monné (2019) esta falta de especificidade entre os MCs em vegetais é surpreendente, considerando o controle metabólico esperado no IMM. Dentre os substratos transportados pelos MCs, estão nucleotídeos e dinucleotídeos (como ATP, ADP, AMP, NAD⁺, FAD/folato), di-/tricarboxilatos (como malato, succinato, 2-oxoglutarato (2-OG), oxaloacetato (OAA), fumarato, citrato, isocitrato), aminoácidos (como glutamato, aspartato, S-adenosilmetionina), cofatores (como coenzima A, difosfato de tiamina) e íons (como fosfatos, prótons, Fe^{2+/³⁺) (Lee; Millar, 2016).}

As proteínas mitocondriais da família MC desempenham um papel fundamental na resposta das plantas às condições de estresse. Entre os principais transportadores envolvidos nesse processo, estão DIC1 (*Dicarboxylate carrier*), BAC2 (Basic Amino Acid Carrier 2), DIC2 (*Dicarboxylate carrier*), AAC e APC (ATP-Mg/Pi carrier). Essas proteínas são responsáveis pelo controle do transporte

de metabólitos e pela manutenção do equilíbrio energético celular, especialmente em situações adversas, como frio, salinidade, seca e estresse osmótico (Toka *et al.*, 2010; Planchais *et al.*, 2014).

Algumas dessas proteínas, como as desacopladoras (UCPs), desempenham um papel importante na prevenção do acúmulo de espécies reativas de oxigênio (ROS), protegendo assim as estruturas celulares. Outros, como o transportador BAC2, são essenciais para a reciclagem de nutrientes e para a recuperação do crescimento após períodos de estresse. Além disso, essas respostas respondem aos sinais hormonais, como o ácido abscísico (ABA), estabelecendo uma conexão entre os processos metabólicos e as respostas de defesa das plantas. Dessa forma, as proteínas da família MCs são essenciais na adaptação das plantas a ambientes hostis (Nunes-Nesi; Cavalcanti; Fernie, 2020).

Além disso, os carreadores de dicarboxilatos (DICs), têm um papel relevante na resposta das plantas a estresses bióticos. Os genes AtDIC1 e AtDIC2 são rapidamente ativados quando a planta entra em contato com o elicitador bacteriano HrpZpto, originado da bactéria *Pseudomonas syringae*. Essa resposta vem acompanhada de um aumento significativo na produção de espécies reativas de oxigênio, como o peróxido de hidrogênio, e também da ativação de genes antioxidantes. Esses transportadores ajudam a regular o equilíbrio redox da mitocôndria e participam ativamente do sistema de defesa da planta, permitindo uma resposta mais eficiente contra patógenos (Barreto *et al.*, 2022).

Dessa forma, apesar dos avanços no conhecimento dos transportadores mitocondriais em plantas, muitos MCs ainda não têm suas funções bioquímicas plenamente caracterizadas. A identificação dessas funções é fundamental para compreender o metabolismo mitocondrial vegetal e ampliar estudos sobre sua atuação na adaptação a diferentes condições ambientais (Fernie; Cavalcanti; Nunes-Nesi, 2020).

2. 3 BIOINFORMÁTICA

Devido ao seu caráter multidisciplinar, a bioinformática é definida como a utilização de métodos computacionais, matemáticos e estatísticos para interpretar informações genéticas, utilizando dados biológicos (Iqbal; Kumar, 2023). Nesse contexto, os dados ômicos referem-se a conjuntos de informações biológicas geradas a partir de tecnologias de alta capacidade, permitindo a análise em larga

escala de diferentes tipos de biomoléculas (Paulo, 2024). Destaca-se que o genoma é o conjunto completo de genes e material genético de um organismo, e a bioinformática se concentra em estudar essas informações em larga escala (Abdelkrim, 2023).

Dessa forma, a bioinformática surgiu com o propósito de integrar diferentes áreas do conhecimento especialmente a biologia e a informática para tornar possível o armazenamento, a interpretação, a organização e a análise de dados biológicos em bancos de dados (Lima, 2019).

A bioinformática também se destaca como uma ferramenta essencial nos programas de melhoramento genético, principalmente por agilizar a interpretação dos dados obtidos por meio do sequenciamento. Essa agilidade permite identificar genes de interesse biotecnológico com mais rapidez, contribuindo para o desenvolvimento de culturas mais produtivas, mesmo em condições ambientais desfavoráveis (Xia *et al.*, 2019).

A bioinformática começou a se desenvolver por volta da década de 1960, cerca de uma década antes do sequenciamento do DNA (*deoxyribonucleic acid*) se tornar viável. Entre os marcos importantes desse processo, estão a descoberta da estrutura do DNA por Watson e Crick, em 1953, e as pesquisas realizadas na década de 1960 por cientistas como Pauling, Coren e Ramachandran, que contribuíram com importantes dados sobre a bioquímica e a estrutura das proteínas (Verli, 2014).

Margaret O. Dayhoff é reconhecida como a mãe da bioinformática por ter sido uma das primeiras a organizar de forma sistemática o conhecimento sobre a estrutura tridimensional das proteínas. Seu trabalho foi fundamental para o desenvolvimento de tecnologias capazes de identificar sequências peptídicas e de softwares voltados à visualização de estruturas, especialmente aplicados à cristalografia por raios X. Além disso, contribuiu com métodos computacionais para comparar sequências de proteínas. Um de seus feitos mais notáveis foi a publicação do *Atlas of Protein Sequence and Structure*, obra que marcou a história ao reunir e tornar acessíveis dados importantes sobre proteínas (Diniz; Canduri, 2017).

Na década de 1990, o uso de sequenciadores capilares em larga escala, aliado à introdução da marcação fluorescente dos didesoxinucleotídeos, possibilitou a geração de grandes volumes de dados genômicos. Com o advento das tecnologias de sequenciamento de nova geração (NGS), houve uma redução

significativa no tempo de processamento e nos custos associados. Como resultado, o número de genomas completamente sequenciados continua a crescer rapidamente, acompanhado por um aumento expressivo na quantidade de informações disponíveis (Prosdocimi, 2010).

Diante do crescente volume de dados gerados pelo sequenciamento em larga escala, a bioinformática passou a contar com uma variedade de recursos, como bancos de dados e softwares especializados, que desempenham um papel essencial na análise e interpretação desses dados. Essas ferramentas são aplicadas em diversas etapas, incluindo a montagem e o estudo de sequências genéticas, a análise de funções e estruturas moleculares, bem como a organização e manutenção de bancos de dados biológicos. Tais aplicações são indispensáveis para o avanço das pesquisas em nível genômico e molecular, permitindo a compreensão mais aprofundada dos mecanismos biológicos (Kumar; Shanker, 2018).

Os bancos de dados biológicos são compostos por um conjunto de informações organizadas e associadas a ferramentas específicas. Essas ferramentas permitem consultar, recuperar e atualizar os dados armazenados, conforme os registros que lhes são atribuídos (Reolon, 2011).

Entre os bancos de dados de sequências nucleotídicas, o GenBank se destaca como o mais popular, com cerca de 199 milhões de sequências de DNA disponíveis para acesso público. Ele faz parte do NCBI (*National Center for Biotechnology Information*), que é um banco de dados biológicos com diversos recursos acessíveis online (Bhat; Wijaya; Parikest, 2019).

Os bancos de dados de bioinformática são amplamente acessíveis online (Bhat; Wijaya; Parikest, 2019). Dentre os principais bancos voltados para proteínas, destaca-se o UniProt (*Universal Protein Resource*), que reúne informações sobre anotações funcionais, sequências proteicas e conjuntos de proteomas de organismos com genomas já sequenciados. Seu principal recurso é a base UniProtKB (*Universal Protein Resource Knowledgebase*), que fornece dados detalhados sobre as funções das proteínas (Consórcio UniProt, 2019). O UniProt é dividido em duas seções: Swiss-Prot e TrEMBL. A seção Swiss-Prot contém sequências de proteínas que foram anotadas manualmente e revisadas por especialistas, garantindo alta qualidade e confiabilidade das informações (Boutet et al., 2016). Por outro lado, o TrEMBL abriga sequências de proteínas anotadas

automaticamente, que são geradas a partir de dados de sequências de nucleotídeos e ainda não passaram por revisão manual (Poux et al., 2017).

Entre os bancos de dados voltados para organismos modelo, o TAIR (*The Arabidopsis Information Resource*) é um dos mais conhecidos e é dedicado exclusivamente à *Arabidopsis thaliana*. Ele reúne informações estruturais e funcionais sobre o genoma dessa planta, considerada referência nos estudos genéticos, servindo de base para a compreensão dos processos de desenvolvimento vegetal e para a realização de novas pesquisas na área (Reiser et al., 2022).

Já o TransportDB é um banco de dados que descreve a complementação de proteínas de transporte de membrana citoplasmática previstas para organismos com genomas completos disponíveis. Sua função é fornecer acesso a dados sobre transportadores de membrana, facilitando a exploração e análise desses componentes em genomas sequenciados (Elbourne et al., 2017). Além disso, há também ferramentas computacionais desenvolvidas especificamente para a análise funcional e estrutural de proteínas.

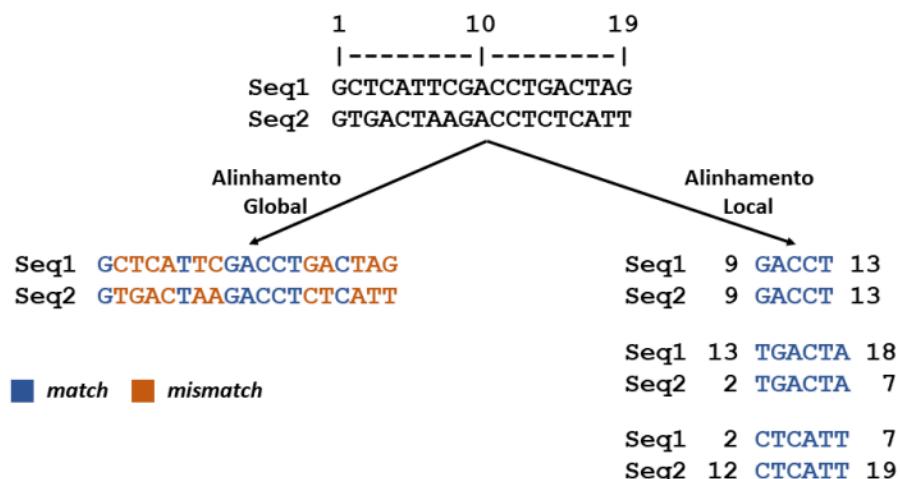
Entre essas ferramentas, destaca-se o HMMER, um programa criado para identificar sequências homólogas entre proteínas com base em métodos probabilísticos. Ele realiza buscas em bancos como o Pfam, que já possui alinhamentos de famílias proteicas previamente definidos (Nascimento, 2017). Já o InterPro integra diversos bancos de dados, oferecendo informações detalhadas sobre famílias de proteínas e suas respectivas anotações funcionais (Blum et al., 2021).

Com o aumento significativo da quantidade de dados armazenados em bancos de dados biológicos, surgiu a necessidade de criar ferramentas que possibilitem a análise desses dados. Nesse cenário, uma das ferramentas mais importantes da bioinformática é o alinhamento de sequências. Esse processo consiste em comparar sequências biológicas de DNA ou proteínas, com o objetivo de identificar semelhanças (Castro, 2017).

As ferramentas para alinhamento de sequências podem ser de dois tipos: alinhamento global e alinhamento local. No alinhamento global, as sequências são comparadas em sua porção, levando em conta toda a sua extensão. Já o alinhamento local foca apenas em partes específicas que apresentam semelhanças

entre as sequências (Figura 6), permitindo uma análise mais detalhada de trechos relevantes (Morais; Martins; Santos, 2020).

Figura 6. Os diferentes tipos de alinhamento de sequências (alinhamento local e global).



Fonte: Amorim (2022).

A principal ferramenta utilizada para o alinhamento de sequências é o BLAST (Basic Local Alignment Search Tool). O BLAST permite a busca rápida de sequências semelhantes em grandes bancos de dados, facilitando a identificação de relações funcionais e evolutivas entre diferentes sequências biológicas (Goel, 2015).

A estrutura dos genes pode fornecer informações valiosas para pesquisas sobre evolução e funções de famílias gênicas. Uma ferramenta importante é o TBtools, um software que reúne diversas funcionalidades para análise de dados biológicos, permitindo o gerenciamento de grandes volumes de sequências, bem como a visualização da localização dos genes nos cromossomos (Chen *et al.*, 2020).

O uso de ferramentas bioinformáticas tem se tornado cada vez mais necessário devido ao grande volume de dados moleculares gerados por programas de sequenciamento de genes. A integração e disponibilidade desses dados é crucial e pode auxiliar muito no desenvolvimento de material genético, compreensão da expressão gênica, criação de marcadores moleculares específicos entre outras aplicações (Seixas, 2016).

3 OBJETIVOS

3.1 OBJETIVO GERAL

- Identificar, caracterizar e mapear a família gênica dos transportadores MC no genoma do feijão comum.

3.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Identificar e anotar genes e proteínas MC em feijão comum;
- Analisar a estrutura gênica e motivos proteicos dessa família de transportadores;
- Fazer inferência funcional de transportadores MC do feijão comum através de análises filogenéticas com sequências caracterizadas funcionalmente de transportadores MC.

4 MATERIAIS E MÉTODOS

4.1 Identificação e caracterização da família MC

A identificação dos genes e proteínas MCs, respectivamente no genoma e proteoma de *Phaseolus vulgaris* disponíveis no NCBI, foi realizada por meio da ferramenta BLASTp (e-value < 1e-10), utilizando um conjunto de 60 sequências proteicas AtMC (MCs de *A. thaliana*), obtidas no banco de dados TAIR (<https://www.arabidopsis.org/>) e TransportDB (TransportDB 2.0 (membranetransport.org)). As sequências peptídicas recuperadas a partir das análises de similaridade foram então submetidas às ferramentas HMMERScan (<https://www.ebi.ac.uk/Tools/hmmer/search/hmmSCAN>) e InterProScan (<https://www.ebi.ac.uk/interpro/search/sequence-search>), com o objetivo de confirmar a presença dos domínios proteicos. Os motivos conservados das proteínas codificadas pelos genes analisados foram preditos por meio do programa MEME (<http://memesuite.org/>). As regiões de hélices transmembrana foram identificadas utilizando-se o TMHMM (www.cbs.dtu.dk/services/TMHMM). As estimativas de peso molecular e ponto isoelétrico das proteínas foram obtidas na plataforma ExPASy (<https://www.expasy.org/>). Enquanto a localização subcelular ocorreu no DeepLoc (<https://services.healthtech.dtu.dk/services/DeepLoc-2.1/>). Já os números de exons foram obtidos a partir do NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>)

4.2 Mapeamento *in silico* e Análises Filogenéticas

A determinação da localização cromossômica desses genes foi realizada a partir das coordenadas do arquivo GFF. Para a nomeação dos genes identificados em *P. vulgaris*, considerou-se a ordem genômica em que esses genes estão organizados em cada cromossomo. Essa análise foi conduzida com o auxílio do software TbTools (<https://github.com/CJChen/TBtools>), que permite a visualização e manipulação de dados genômicos de forma integrada.

As sequências peptídicas caracterizadas (25 sequências) dos transportadores pertencentes à família MC de *A. thaliana*, obtidas a partir dos bancos de dados TAIR e transportDB, foram utilizadas como referência para análises comparativas. Essas sequências foram alinhadas com as proteínas identificadas neste estudo em *P. vulgaris* (denominadas, por meio do software MAFFT (<https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/mafft/>)), que permite o alinhamento múltiplo de sequências de forma eficiente e precisa. Com base nesse alinhamento, as relações

filogenéticas entre as sequências de *A. thaliana* e *P. vulgaris* foram inferidas utilizando o software IQ-TREE (<http://iqtree.cibiv.univie.ac.at/>), aplicando o método de máxima verossimilhança. Para garantir maior confiabilidade estatística às inferências, foi adotado um suporte de 10.000 réplicas de bootstrap, conferindo robustez às ramificações da árvore filogenética gerada.

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

Por meio da análise BLASTp (e-value < 1e-10), utilizando um conjunto de 60 sequências MCs de *A. thaliana* como referência, foram identificadas 99 sequências proteicas como possíveis MCs em *P. vulgaris* (PvMCs). A análise de domínios proteicos revelou que 19 destas sequências não possuíam domínios de MCs. Dessa forma, foram confirmadas 80 sequências peptídicas contendo domínios característicos da família MC codificadas por 74 genes PvMC. As informações referentes aos genes e proteínas identificadas estão sintetizadas na Tabela 1. Alguns genes identificados codificam mais de um produto gênico, são eles: PHAVU_003G029900g (PvMC22a, PvMC22b), PHAVU_009G158900g (PvMC61a, PvMC61b, PvMC61c), PHAVU_010G011800g (PvMC67a, PvMC67b), PHAVU_008G229700g (PvMC52a, PvMC52b), PHAVU_002G266200g (PvMC17a, PvMC17b). Isso sugere a ocorrência de splicing alternativo. O splicing alternativo confere vantagens para os indivíduos, pois um único gene pode codificar diferentes proteínas favorecendo o mecanismo de adaptação em ambientes adversos (Servi; Petrillo, 2023).

O tamanho das proteínas PvMC variou entre 127 (PvMC41) e 812 (PvMC44) aminoácidos. O peso molecular variou entre 14100,39 (PvMC64) a 39790,21 Da (PvMC4) e o ponto isoelétrico alternou de 5,44 (PvMC 61a) a 9,99 (PvMC 25) (Tabela 1). Quanto à localização subcelular, a maioria das proteínas MC (97,5%) é encontrada nas mitocôndrias. Somente duas proteínas apresentam localizações distintas: a PvMC16 está presente no plastídio, e a PvMC8 é encontrada nos peroxissomos. Além disso, as proteínas PvMC tiveram entre 0 e 8 hélices transmembranas. De acordo com Toleco (2020), os transportadores da família MC geralmente apresentam cerca de 300 aminoácidos, peso molecular entre 30 e 35 kDa e seis hélices transmembranas, refletindo uma estrutura altamente conservada. A maior variação observada nas proteínas PvMCs pode indicar possíveis fusões gênicas ou adaptações específicas em *P. vulgaris*.

Tabela 1: Dados sobre os genes da família MC em *Phaseolus vulgaris*.

Nome	Identificador	Locus	Cromo ^a	CDS	a.a ^b .	P.M ^c .	P.I ^d .	HTM ^e
PvMC1	XP_007161063.1	PHAVU_001G039600g	1	1215	404	33472,91	9,4	6
PvMC2	XP_007161220.1	PHAVU_001G052000g	1	1209	403	43448,24	9,31	0
PvMC3	XP_007161553.1	PHAVU_001G079200g	1	1422	473	52702,8	6	0
PvMC4	XP_007161645.1	PHAVU_001G086600g	1	1125	374	39790,21	9,27	6
PvMC5	XP_007162127.1	PHAVU_001G126200g	1	1095	364	39472,76	9,83	7
PvMC6	XP_007163152.1	PHAVU_001G210600g	1	957	318	34608,75	9,3	0
PvMC7	XP_007163516.1	PHAVU_001G240500g	1	1008	335	36696,94	9,93	7
PvMC8	XP_007157637.1	PHAVU_002G086400g	2	957	318	34776,39	9,75	2
PvMC9	XP_007158030.1	PHAVU_002G118300g	2	921	306	33491,96	9,26	4
PvMC10	XP_007158310.1	PHAVU_002G142100g	2	894	297	30801,71	9,45	4
PvMC11	XP_007158380.1	PHAVU_002G148300g	2	951	316	33593,29	9,26	0
PvMC12	XP_007158565.1	PHAVU_002G163100g	2	1006	334	36328,13	9,56	4
PvMC13	XP_007159074.1	PHAVU_002G206200g	2	1143	380	41094,22	9,8	0
PvMC14	XP_007159346.1	PHAVU_002G230400g	2	918	305	32714,88	9,38	2
PvMC15	XP_007159441.1	PHAVU_002G238100g	2	906	301	32044,28	9,45	0
PvMC16	XP_007159659.1	PHAVU_002G256400g	2	1245	414	45335,26	7,05	0
PvMC17a	XP_007159774.1	PHAVU_002G266200g	2	984	327	35334	9,59	0
PvMC17b	XP_007159773.1	PHAVU_002G266200g	2	870	289	31191,27	9,62	0
PvMC18	XP_007159945.1	PHAVU_002G280600g	2	1503	500	55771,13	6,25	4
PvMC19	XP_007159980.1	PHAVU_002G282900g	2	1098	365	38855,39	9,53	4
PvMC20	XP_007160064.1	PHAVU_002G289600g	2	1971	656	72893,46	7,94	0
PvMC21	XP_007160536.1	PHAVU_002G329900g	2	945	314	35131,5	9,95	2
PvMC22a*	XP_007153374.1	PHAVU_003G029900g	3	1068	355	21765,42	9,67	0
PvMC22b*	XP_007153375.1	PHAVU_003G029900g	3	819	272	29859,1	9,57	0
PvMC23	XP_007154266.1	PHAVU_003G104200g	3	996	331	36565,19	9,48	0
PvMC24	XP_007154993.1	PHAVU_003G163800g	3	996	331	35214,74	9,28	0
PvMC25	XP_007156090.1	PHAVU_003G257600g	3	942	313	34976,13	9,99	6
PvMC26	XP_007156092.1	PHAVU_003G257800g	3	948	315	35201,56	9,79	0
PvMC27	XP_007156432.1	PHAVU_003G285400g	3	894	297	30959,06	9,62	3
PvMC28	XP_007151372.1	PHAVU_004G041200g	4	936	311	44050,11	8,58	4
PvMC29	XP_007151708.1	PHAVU_004G069200g	4	1440	479	53161,1	6	0
PvMC30	XP_007151728.1	PHAVU_004G070500g	4	798	265	28717,54	9,37	2
PvMC31	XP_007152073.1	PHAVU_004G099800g	4	1101	366	40306,79	9,79	0
PvMC32	XP_007152925.1	PHAVU_004G171800g	4	981	326	36281,27	9,66	0
PvMC33	XP_007148866.1	PHAVU_005G020700g	5	1158	385	41702,03	9,73	5
PvMC34	XP_007149829.1	PHAVU_005G102000g	5	1104	367	39571,6	9,84	2
PvMC35	XP_007150379.1	PHAVU_005G148300g	5	1179	392	42807,31	9,7	6
PvMC36	XP_007150623.1	PHAVU_005G167800g	5	888	295	32251,29	9,25	3
PvMC37	XP_007146716.1	PHAVU_006G063600g	6	603	200	38855,39	9,53	3
PvMC38	XP_007147275.1	PHAVU_006G110300g	6	1101	366	32653,07	9,52	6
PvMC39	XP_007147281.1	PHAVU_006G110800g	6	1038	345	37482,47	9,46	0
PvMC40	XP_007147410.1	PHAVU_006G122100g	6	993	330	35798,39	9,28	0

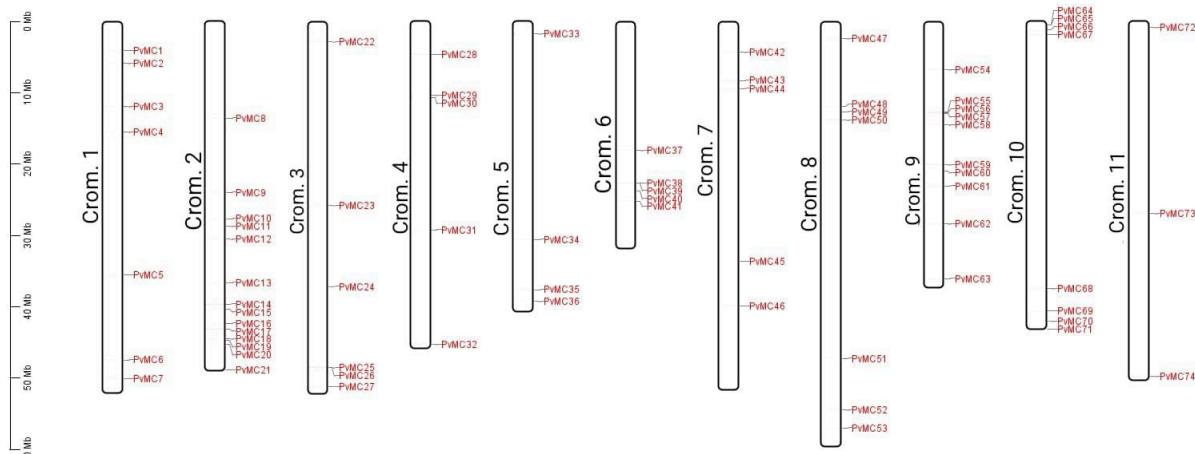
Nome	Identificador	Locus	Cromo ^a	CDS	a.a ^b .	P.M ^c .	P.I ^d .	HTM ^e
PvMC41	XP_007147593.1	PHAVU_006G137700g	6	384	127	13835,31	8,37	0
PvMC42	XP_007143214.1	PHAVU_007G053600g	7	963	320	35207,93	9,65	4
PvMC43	XP_007143580.1	PHAVU_007G083700g	7	933	310	33477,19	9,5	0
PvMC44	XP_007143676.1	PHAVU_007G092200g	7	2439	812	88392,35	8,22	0
PvMC45	XP_007144198.1	PHAVU_007G136400g	7	918	305	33295,45	9,88	0
PvMC46	XP_007144571.1	PHAVU_007G166800g	7	942	313	38529,17	9,48	0
PvMC47	XP_007139437.1	PHAVU_008G029300g	8	945	314	34470,91	9,61	0
PvMC48	XP_007140348.1	PHAVU_008G104600g	8	1119	372	41008,73	9,76	0
PvMC49	XP_007140405.1	PHAVU_008G108900g	8	918	305	32619,95	9,44	0
PvMC50	XP_007140462.1	PHAVU_008G114400g	8	714	237	35614,84	9,82	2
PvMC51	XP_007141238.1	PHAVU_008G178900g	8	945	314	34638,54	9,77	0
PvMC52a*	XP_007141836.1	PHAVU_008G229700g	8	978	325	35582,23	9,82	2
PvMC52b*	XP_007141837.1	PHAVU_008G229700g	8	777	258	27902,09	9,67	0
PvMC53	XP_007142146.1	PHAVU_008G256400g	8	975	324	34797,79	8,52	0
PvMC54	XP_007136250.1	PHAVU_009G031000g	9	1251	416	45559,92	9,75	0
PvMC55	XP_007136831.1	PHAVU_009G078000g	9	975	324	35945,55	9,71	0
PvMC56	XP_007136841.1	PHAVU_009G078600g	9	1017	338	36959,64	9,79	2
PvMC57	XP_007136865.1	PHAVU_009G080300g	9	1035	344	37456,12	9,53	4
PvMC58	XP_007137034.1	PHAVU_009G094100g	9	1161	386	42162,72	9,1	0
PvMC59	XP_007137564.1	PHAVU_009G137100g	9	1188	395	42991,67	9,57	2
PvMC60	XP_007137645.1	PHAVU_009G143800g	9	909	302	32398,6	9,82	0
PvMC61a*	XP_007137825.1	PHAVU_009G158900g	9	1431	476	52870,65	5,44	0
PvMC61b*	XP_007137827.1	PHAVU_009G158900g	9	1032	343	38583,92	4,99	0
PvMC61c*	XP_007137826.1	PHAVU_009G158900g	9	1197	398	44495,15	5,33	0
PvMC62	XP_007138233.1	PHAVU_009G191500g	9	1074	357	39627,48	9,3	6
PvMC63	XP_007138898.1	PHAVU_009G246900g	9	987	328	36277,59	9,48	0
PvMC64	XP_007133902.1	PHAVU_010G0017001g	10	399	132	14100,39	9,57	0
PvMC65	XP_007133903.1	PHAVU_010G0017000g	10	744	247	27532,09	9,62	0
PvMC66	XP_007133969.1	PHAVU_010G007800g	10	918	305	33967,55	9,66	0
PvMC67a*	XP_007134012.1	PHAVU_010G011800g	10	990	329	35501,91	9,61	0
PvMC67b*	XP_007134013.1	PHAVU_010G011800g	10	714	237	25676,74	9,02	0
PvMC68	XP_007135224.1	PHAVU_010G111300g	10	1068	355	38309,31	9,35	2
PvMC69	XP_007135489.1	PHAVU_010G133600g	10	1029	343	36884,55	9,49	2
PvMC70	XP_007135685.1	PHAVU_010G149800g	10	912	303	38856,14	9,5	8
PvMC71	XP_007135865.1	PHAVU_010G164500g	10	1122	373	40979,43	9,15	0
PvMC72	XP_007131408.1	PHAVU_011G011300g	11	948	315	34489,4	9,66	0
PvMC73	XP_007132806.1	PHAVU_011G126000g	11	1116	371	39813,86	9,74	5
PvMC74	XP_007133838.1	PHAVU_011G213200g	11	1158	385	41724,99	9,8	5

^a Cromossomo; ^b Tamanho da sequência de aminoácidos; ^c Peso molecular da sequência de aminoácidos; ^d Ponto isoelétrico; ^e Número de domínios transmembrana; “*” Genes codificam mais de uma proteína;

Fonte: A autora.

A distribuição dos genes PvMC abrange todos os cromossomos da espécie, com uma maior concentração no cromossomo 2, onde foram mapeados 14 genes PvMC. Em contraste, o cromossomo 11 apresenta a menor incidência, com apenas 3 genes identificados (Figura 7). Além disso, o número de exons encontrados nos genes PvMC variou de 1 a 13.

Figura 7. Distribuição dos genes MCs nos cromossomos de *P. vulgaris*.

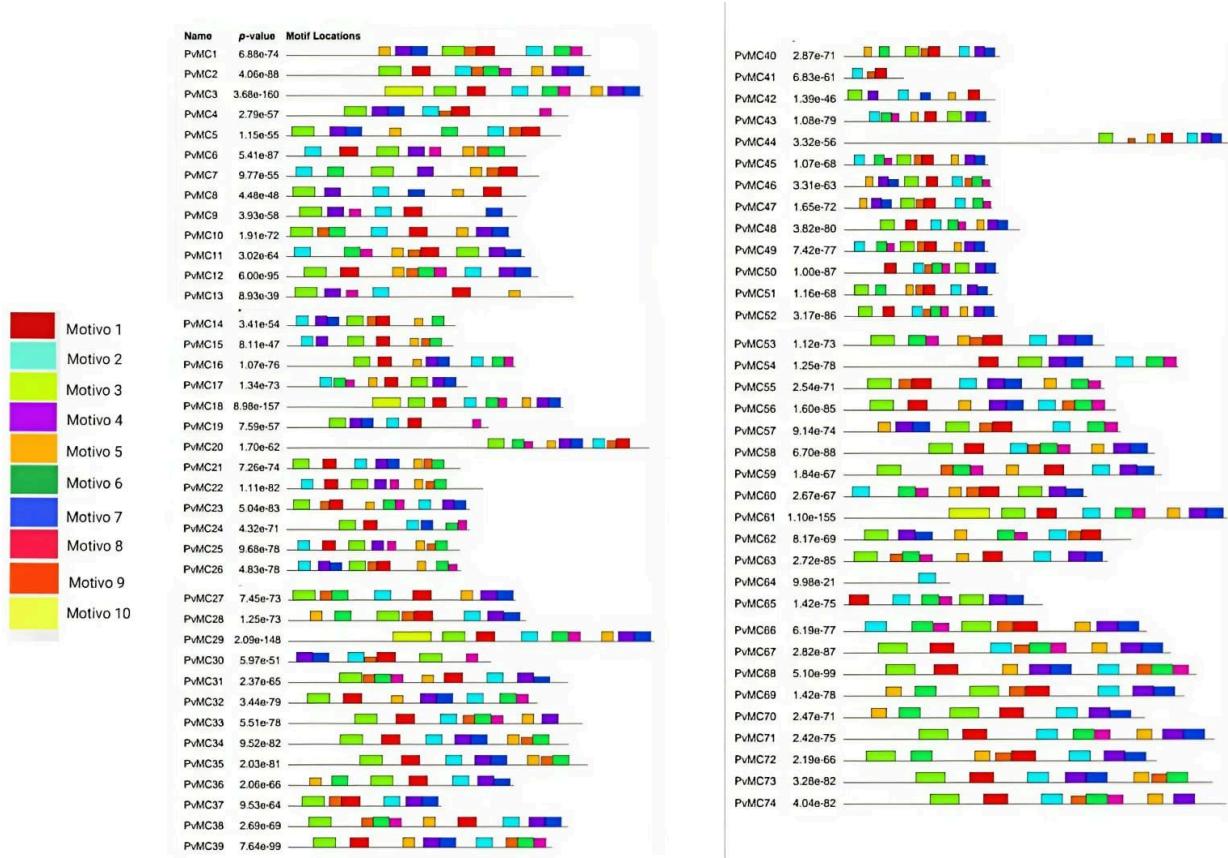


Fonte: A autora (2025).

Os motivos conservados das proteínas PvMC foram identificados utilizando o software MEME (Figura 8). No total foram identificados 10 motivos conservados, sendo os motivos 1, 3 e 10 os maiores e os motivos 5, 8 e 9 os menores. A sequência consenso dos motivos identificados pode ser vista na Figura 9. Entre os PvMCs, os motivos mais conservados são 2,1 e 3 respectivamente sendo que o motivo 2 está presente em todas as proteínas, já os motivos um e três estão presentes em 73 e 72 proteínas respectivamente.

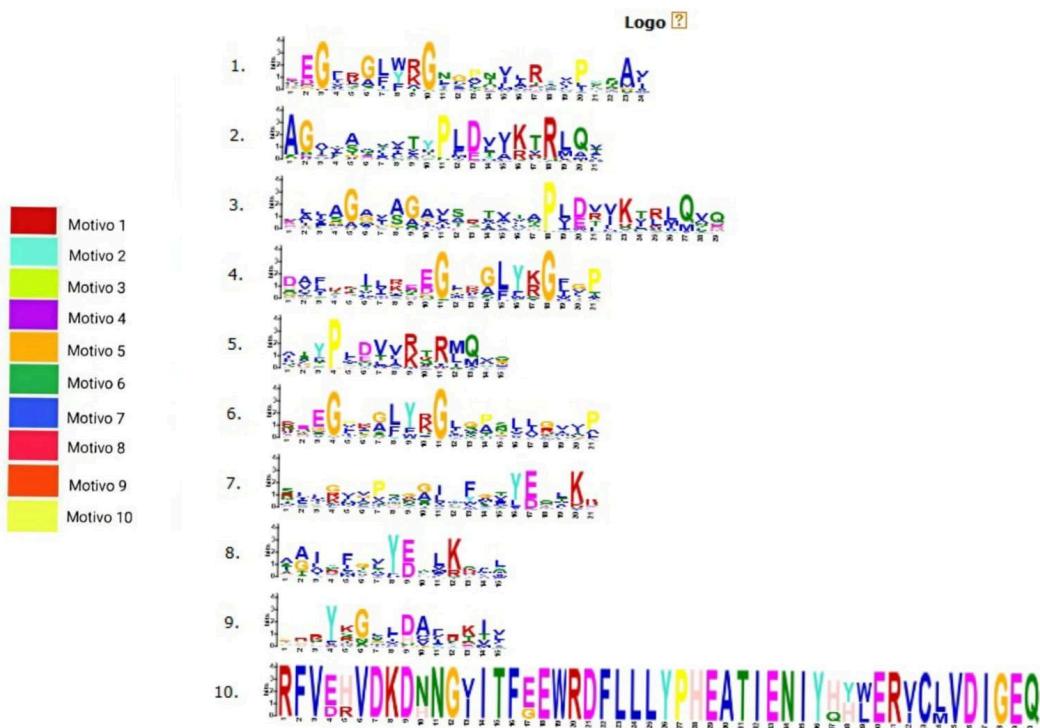
O motivo 10 é o menos conservado, estando presente em apenas 4 proteínas (PvMC3, PvMC 18, PvMC29 e PvMC61). Dentre as proteínas analisadas, a PvMC64 apresenta somente um único motivo e a PvMC41 apresenta apenas três motivos conservados. Foi observada uma alta coocorrência entre dois motivos conservados (4 e 7), que apareceram juntos em (59) das 74 proteínas analisadas.

Figura 8. Motivos conservados das proteínas MC de *P. vulgaris* identificados através do software MEME.



Fonte: A autora (2025).

Figura 9. Sequência consenso.

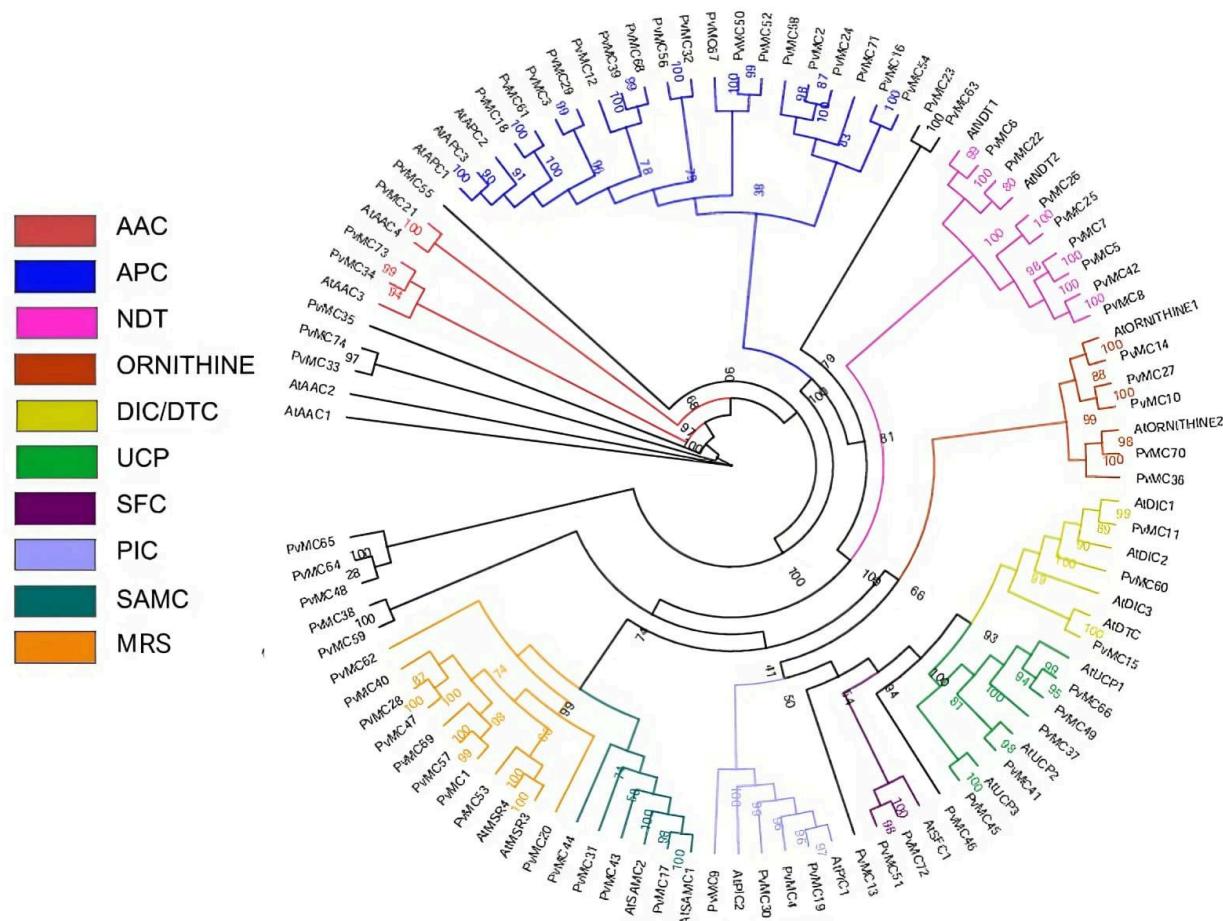


Fonte: A autora (2025).

A partir das relações filogenéticas entre as proteínas PvMC e as proteínas MC de *A. thaliana*, foi possível prever as potenciais subfamílias de PvMC. De acordo com Fernie, Cavalcanti e Nunes-Nesi (2020), as proteínas MCs de *A. thaliana* estão organizadas em subfamílias classificadas com base no tipo de substrato: nucleotídeos e dinucleotídeos; di-/tri-carboxilatos e cetoácidos; aminoácidos e outros substratos .

Foi realizada uma análise filogenética utilizando 74 proteínas MC de *P. vulgaris* e 25 proteínas MC caracterizadas funcionalmente de *A. thaliana*. De maneira geral, a árvore resultante (Figura 10) foi organizada em quatro subfamílias principais: nucleotídeos e dinucleotídeos; di-/tri-carboxilatos e cetoácidos; aminoácidos e outros substratos. Essas subfamílias foram subdivididas em 10 subgrupos funcionais, nos quais as proteínas PvMC foram distribuídas: AAC (*ADP/ATP carrier*), APC, NDT (*NAD⁺ carrier*), ORNITHINE (*ornithine carrier*), DIC, DTC (*Di-/tri-carboxylate carrier*), UCP, SFC (*succinate/fumarate carrier*), PIC (*phosphate carrier*), SAMC (*S-adenosylmethionine carrier*) e MRS.

Figura 10. Análise filogenética com as proteínas MC de *A. thaliana* e *P. vulgaris* feita a partir dos softwares MAFFT e IQTree.



Fonte: A autora (2025).

Para a subfamília nucleotídeo e dinucleotídeo foram identificados os seguintes subgrupos: AAC, APC e NDT. No subgrupo AAC foram identificados um total de 4 genes, sendo 2 PvMC e 2 AtMC. No subgrupo APC foram identificados 21 genes, dos quais 18 são PvMC e 3 são AtMC. Já o subgrupo NDT reuniu 10 genes, com 8 PvMC e 2 AtMC. Dentro dessa subfamília o subgrupo APC foi o mais numeroso. Estudos mostram que os subgrupos DIC, AAC e APC em *A. thaliana* atuam na regulação do transporte de metabólitos entre os compartimentos mitocondriais, garantindo a distribuição adequada de compostos como ácidos orgânicos, nucleotídeos e aminoácidos. Também são essenciais para manter o equilíbrio energético celular, especialmente durante condições de estresse abiótico, como frio, salinidade, seca e estresse osmótico, auxiliando na adaptação e sobrevivência da planta (Toka *et al.*, 2010; Planchais *et al.*, 2014).

Na família de di-/tri-carboxilatos e cetoácidos, foram identificados os subgrupos DIC, DTC e SFC. Os subgrupos DIC e DTC foram agrupados em um mesmo ramo filogenético, somando 7 genes, com 3 PvMC e 4 AtMC. O subgrupo SFC contou com 3 genes, sendo 2 PvMC e 1 AtMC. Segundo Millar e Heazlewood (2003), os DTCs em *A. thaliana* desempenham um papel essencial na resposta das plantas ao estresse, pois facilitam o transporte de intermediários do ciclo de Krebs, como malato e citrato, entre o citosol e as mitocôndrias. Em situações de estresse, como frio, a expressão desses transportadores aumenta, contribuindo para que as plantas se adaptem metabolicamente a essas condições adversas.

Estudos em *A. thaliana* demonstram que genes da família MC também apresentam perfis de expressão altamente variáveis, dependendo do tecido e do tipo de estresse ambiental. Os genes *DIC2*, por exemplo, são fortemente induzidos sob estresses salino e osmótico, mas de formas distintas entre raízes e folhas (Nunes-Nesi; Cavalcanti; Fernie, 2020).

A subfamília de aminoácidos é composta pelos subgrupos UCP, SAMC e ORNITHINE. O subgrupo UCP apresentou 8 genes, com 5 PvMC e 3 AtMC. O subgrupo SAMC reuniu 6 genes, sendo 4 PvMC e 2 AtMC. Já o subgrupo ORNITHINE apresentou 7 genes, dos quais 5 são PvMC e 2 são AtMC. O subgrupo UCP em *A. thaliana*, além de atuar como desacopladores, transportam aminoácidos e dicarboxilatos, desempenhando papel importante na regulação do metabolismo energético e na resposta a estresses, atuando na prevenção do acúmulo de espécies reativas de oxigênio (Nunes-Nesi; Cavalcanti; Fernie, 2020).

Segundo Oliveira (2015), em soja (*Glycine max*) os UCPs também atuam na resposta ao estresse regulando o acúmulo de espécies reativas de oxigênio, que aumentam em condições adversas. No estudo, os genes GmUCP foram estudados sob dois tipos de estresse: o estresse abiótico, simulado com polietilenoglicol para representar a seca, e o estresse biótico, induzido pelo ácido salicílico para simular o ataque de patógenos. Os resultados demonstraram que alguns desses genes tiveram um aumento na expressão, indicando que os UCPs são indicados para a defesa da planta por meio da modulação do estresse oxidativo mitocondrial.

De acordo com Garantizado (2012), no feijão-caupi (*Vigna unguiculata*) as UCPs também desempenham um papel importante ao desacoplar a cadeia respiratória mitocondrial da síntese de ATP, o que resulta na redução da produção de espécies reativas de oxigênio. No estudo, as UCPs mostraram resposta a

diferentes tipos de estresse, incluindo estresse salino, osmótico ou por seca, oxidativo e hormonal. Dentre os genes analisados, o VuUCP1b se destacou por sua sensibilidade, apresentando um aumento na expressão em raízes sob todas essas condições de estresse, o que sugere um papel fundamental na adaptação da planta às condições ambientais desfavoráveis.

Em *A. thaliana* os SAMCs são essenciais na resposta a estresses como seca, salinidade, frio, radiação UV e ataque de patógenos. Eles transportam S-adenosilmetionina (SAM) para a mitocôndria, onde o SAM é utilizado na síntese de etileno, um hormônio que ativa genes de defesa e adaptação. Além disso, o SAM atua como doador de grupos metila, regulando a expressão gênica em resposta às condições ambientais (Palmieri *et al.*, 2011).

Na subfamília outros substratos, foram identificados os subgrupos PIC e MRS. O subgrupo PIC apresentou 6 genes, dos quais 4 são PvMC e 2 são AtMC. Já o subgrupo MSR reuniu um total de 11 genes, sendo 9 pertencentes a PvMC e 2 a AtMC. O subgrupo PIC em *A. thaliana* está associado a diversos tipos de estresse, especialmente estresse salino, osmótico, térmico e oxidativo. Quando exposto a esses estresses, o PIC aumenta a entrada de fosfato nas mitocôndrias, garantindo a continuidade da produção de ATP e ajudando a planta a manter o equilíbrio metabólico (Van Aken *et al.*, 2009).

Além de atuarem na resposta a diferentes estresses, vários transportadores MC são expressos constitutivamente em diferentes tecidos de *A. thaliana*, sugerindo o papel essencial desses genes na fisiologia das plantas (Nunes-Nesi; Cavalcanti, Fernie, 2020).

6 CONCLUSÃO

Neste estudo, identificamos 74 genes MC no genoma de *P. vulgaris* depositados no NCBI. Todo esse conjunto foi caracterizado revelando a estrutura gênica, características das proteínas e motivos proteicos conservados, bem como a distribuição ao longo dos 11 cromossomos do feijão comum.

A análise filogenética mostrou uma subdivisão dos PvMCs de acordo com as subfamílias de *A. thaliana* (nucleotídeos e dinucleotídeos; di-/tri-carboxilatos e cetoácidos; aminoácidos; e outros substrato), proporcionando uma compreensão mais aprofundada sobre os domínios e funções dessas proteínas. Considerando que a família gênica MC está associada a diversas funções fisiológicas, incluindo a tolerância aos estresses bióticos e abióticos, nossos resultados oferecem informações valiosas aos programas de melhoramento de *P. vulgaris*.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABDELKRIM, R. Bioinformatics: An Exciting Field of Science-Importance and Applications. **Journal of Concepts in Structural Biology & Bioinformatics(JSBB)**, v. 1, n. 4, 2023. Disponível em: https://bioinformatics.univ-saida.dz/jsbb/February_2023/Bioinformatics_An_Exciting_Field_of_Science.pdf . Acesso em: 28 de jun. 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, p. 1-23, 2019. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007/s11032-018-0920-0>. Acesso em: 24 de Mai. 2025.
- BARRETO, P. et al. Comprehensive in silico analysis and transcriptional profiles highlight the importance of mitochondrial dicarboxylate carriers (DICs) on hypoxia response in both *Arabidopsis thaliana* and *Eucalyptus grandis*. **Plants**, v. 11, n. 2, p. 181, 2022. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2223-7747/11/2/181>. Acesso em: 11 de jul. 2025.
- 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. Disponível em: <https://scholarhub.ui.ac.id/mjt/vol23/iss2/4/>. Acesso em 25 de Abr. de 2025.
- BOUTET, E. et al. UniProtKB/Swiss-Prot, the manually annotated section of the UniProt KnowledgeBase: how to use the entry view. **Plant bioinformatics: methods and protocols**, p. 23-54, 2016. Disponível em: <https://academic.oup.com/bioinformatics/article/33/21/3454/3964379?login=false>. Acesso em: 16 de Mai. 2025.
- 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. Disponível em: <https://academic.oup.com/nar/article/49/D1/D344/5958491?login=false> .Acesso em 25 de Abr. de 2025.
- BRAGA, C. S. Caracterização morfoagronômica, fenológica e viabilidade polínica de genótipos de feijão. Universidade do Estado de Mato Grosso, 2020. Disponível em: https://portal.unemat.br/media/files/Disserta%C3%A7%C3%A3o_Catiane.pdf . Acesso em: 10 de Abr. de 2025.
- CARBONELL, S.; CHIORATO, A.; BEZERRA, L. A planta e o grão do feijão e as firmas de apresentação aos consumidores. **Arroz e feijão: tradição e segurança alimentar**, p. 101-116, 2021. Disponível em: https://www.researchgate.net/profile/Carlos-Ferreira-10/publication/354587015_Arroz_e_feijao_tradicao_e_seguranca_alimentar/links/6141166d578238365b0b1669/Arroz-e-feijao-tradicao-e-seguranca-alimentar.pdf#page=102 .Acesso em: 10 de Abr. de 2025.

CASTRO, M. R. SparkBLAST: utilização da ferramenta Apache Spark para execução do BLAST em ambiente distribuído e escalável. 2017. Disponível em : https://bdtd.ibict.br/vufind/Record/SCAR_f09b7e85a04457723e841269c0218daa. Acesso em 20 de Abr. de 2025.

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. 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 21 de Abr. de 2025.

CID-GALLEGOS, M. S. et al. Potencial nutricional y bioactivo de frijol (*Phaseolus vulgaris*) en la salud humana. **Investigación y Desarrollo en Ciencia y Tecnología de Alimentos**, v. 8, n. 1, p. 309-318, 2023. Disponível em: <https://idcyta.uanl.mx/index.php/i/article/view/42>. Acesso em: 24 de Mai. 2025.

COÊLHO, J. D. Feijão: Produção e Mercados. v. 6, n. 197 (2021). **Caderno Setorial ETENE**, v. 6, 2021. Disponível em: <https://www.bnb.gov.br/revista/cse/article/view/2869/1971> .Acesso em: 25 de Abr. de 2025.

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - (CONAB). Boletim da Safra de 2022.
Grãos. Disponível também em:
<https://www.conab.gov.br/info-agro/safras/graos/boletim-dasafra-de-graos> .Acesso em: 22 de jan. 2024.

CONSÓRCIO UNIPROT. UniProt: um centro mundial de conhecimento sobre proteínas. **Pesquisa em ácidos nucleicos** , v. 47, n. D1, p. D506-D515, 2019. Disponível em:
<https://academic.oup.com/nar/article/47/D1/D506/5160987?login=false> .Acesso em 20 de Abr. de 2025.

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: <http://repositorio.ufu.br/handle/123456789/27623>. Acesso em: 24 de Mai. 2025.

DIAS, J. et al. Fitossanidade e aspectos morfoagronômicos de cultivares de feijão comum (*Phaseolus vulgaris*) e feijão de corda (*Vigna unguiculata*). 2021. Disponível em: <https://repositorio.ifgoiano.edu.br/handle/prefix/2032> .Acesso em: 06 de dez. 2023.

DINIZ, W. J. S.; CANDURI, F. Bioinformatics: an overview and its applications. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 1, p. 17, 2017. Disponível em: https://d1wqtxts1xzle7.cloudfront.net/55109643/10.0000-www.funpecrp.com.br_gene_ric-8569A2DB052A-libre.pdf?1511632797=&response-content-disposition=inline%3B+filename%3DBioinformatics_an_overview_and_its_appli.pdf&Expires=1749486329&Signature=D2s0yXDiLwSw87UJg0SPojtZe~f41R-lyel6b0ctyQgqsUCcSGVUa07udXg9DM~FYwmIFbCNFU6LNvDMDE-4YbckbzIK7gOUKS44VToFA3IKHUPubzP4mDZ5

eYzPIr~NpPny4eojlxq91M7akhOqluJdMsE6s1KZ3aspfJEyKMCLIrMD0PEZx2LVUs1f
 FhN3GYn7aXmsOtHWoRqWMBa69pkYINm1PaFAQF90QNFmycCBno9qF5za-uwN
 ygLRk4VRhKreOrtda6i3KHbixykTA5bCFzQQvTpcll8j4qS2V21HCKU2spr6UcWVvAP
 RJ9oTcsSTQAPYhvwpNFoC5cSG-g__&Key-Pair-Id=APKAJLOHF5GGSLRBV4ZA.
 DOI: <http://dx.doi.org/10.4238/gmr16019645>. Acesso em: 25 de jan. 2024.

ELBOURNE, L. D. et al. TransportDB 2.0: um banco de dados para explorar transportadores de membrana em genomas sequenciados de todos os domínios da vida. *Nucleic acids research*, v. 45, n. D1, p. D320-D324, 2017. Disponível em: <https://academic.oup.com/nar/article/45/D1/D320/2605703?login=false>. Acesso em 20 de Abr. de 2025.

ELIAS, J. C. F. Análise de associação para características relacionadas a tolerância à seca em feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.). Tese (doutorado) - Universidade Estadual de Maringá, Centro de Ciências Agrárias, Maringá, 2017. Disponível em: <http://repositorio.uem.br:8080/jspui/handle/1/6490>. Acesso em: 14 de jul. 2025.

FERREIRA, M. A. D. M. **Bioinformática como ferramenta no melhoramento genético de plantas.** 2017. Trabalho de Conclusão de Curso (Bacharelado em Ciências Biológicas) - Universidade Federal do Espírito Santo, Vitória – ES, 2017. Disponível em: <http://repositorio.uem.br:8080/jspui/handle/1/6490>. Acesso em: 14 de jul. 2025.

FERNANDES F., C. et al. Atividade peroxidásica em feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.) cv. Aporé na presença de ácido salicílico e *Thanatephorus cucumeris*. Revista Ibero-Americana de Ciências Ambientais, v. 11, n. 1, p. 72-79, 2020. Disponível em: <https://www.sustenere.inf.br/index.php/rica/article/view/CBPC2179-6858.2020.001.0008>. Acesso em: 10 de Abr. de 2025.

FRANCISCON, H. et al. Inoculação de bactérias fixadoras de nitrogênio no feijoeiro comum (*Phaseolus vulgaris* L.). *Journal of Agronomic Sciences, Umuarama*, v. 3, p. 222-235, 2014. Disponível em : https://d1wqxts1xzle7.cloudfront.net/71320895/LITERATURE REVIEW_ABOUT_THE_INOCULATION_20211004-6185-w42e52.pdf?1738432459=&response-content-disposition=inline%3B+filename%3DLITERATURE REVIEW_ABOUT_THE_INOCULATION.pdf&Expires=1745701166&Signature=YyIN1cqD4Ygi81WQm4bdvw2ZY5kmdEYQ5gOOPWoGwUr5sAbnPls~bHKL7lt0X7zU3~F6wqglxsyREHSoxbkXQoVDx3oRG4-3hzppeSpPk9EcVwPA5vU4tIXli0XTY7koMU6rSXK19yZ5Eadx38gMgUFyTTtv1mySWQYOTuYUtpUGu05iz0PmUOemf-ct~UamaFoQ91uQoQfTiNyfn~qAKt2BvpdLrHf1dqjmNJyzlZSzlMfjO4wMfh6m~~OFvVdhSAyusF55CHPIT9zNaj6ztO7dTvZua~A4G59fOomu2XUc9-39leAlvKrk0DxjLyaeleeOWWHyRkGAJrEl9WujA__&Key-Pair-Id=APKAJLOHF5GGSLRBV4ZA. Acesso em 14 de Abr. de 2025.

FURLAN, J. C. et al. Polimorfismo de novos marcadores microssatélites de *Phaseolus vulgaris* desenvolvidos a partir de regiões alvos homólogas e ligadas à genes de resistência a nematóide em *Glycine max*. 2020. Disponível em: <https://repositorio.ifgoiano.edu.br/handle/prefix/1244>. Acesso em: 22 de jan. 2024.

GALDINO, A. C. S. *et al.* Alterações quantitativas de compostos fenólicos e flavonoides do feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L.) após a infecção por *Fusarium oxysporum*. 2020. Disponível em: <https://repositorio.ufsc.br/handle/123456789/216009>. Acesso em: 10 de Abr. de 2025.

GARANTIZADO, F. E. A. Caracterização da família multigênica da proteína desacopladora de plantas (pUCP) e regulação da expressão gênica sob diferentes condições de estresses abióticos em *Vigna unguiculata* (L.) Walp. 2012. 152 f. Tese (Doutorado em Bioquímica) - Centro de Ciências, Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2012. Disponível em: <https://repositorio.ufc.br/handle/riufc/10620> . Acesso em: 19 de jun. 2025.

GOEL, M. D. Blast: Characteristics, loading and computation—An overview. **Advances in Structural Engineering: Mechanics, Volume One**, p. 417-434, 2015. Disponível em: https://link.springer.com/chapter/10.1007/978-81-322-2190-6_36. Acesso em 21 de Abr. de 2025.

GOMES, J. G. S. Prospecção e identificação de proteínas do extrato de *Phaseolus vulgaris* L. 2021. Disponível em: <https://repositorio.ufc.br/handle/riufc/60385> . Acesso em: 10 de Abr. de 2025.

GRAY, M. W.; BURGER, G.; LANG, B. F. The origin and early evolution of mitochondria. **Genome biology**, v. 2, p. 1-5, 2001., 2 , revisões 1018. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1186/gb-2001-2-6-reviews1018>. Acesso em: 24 de mar. 2024.

HAFERKAMP, I.; SCHMITZ-ESSER, S. The plant mitochondrial carrier family: functional and evolutionary aspects. **Frontiers in plant science**, v. 3, p. 2, 2012. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/journals/plant-science/articles/10.3389/fpls.2012.00002/full> .Acesso em: 12 de Mai. 2025.

HASANUZZAMAN, M.; ARAÚJO, S.; GILL, S. S. **The plant family fabaceae**. Springer Singapore, 2020. Disponível em: <https://link.springer.com/book/10.1007/978-981-15-4752-2>. Acesso em: 16 de Mai. 2025.

HORTEN, P.; COLINA-TENORIO, L.; RAMPELT, H. Biogenesis of mitochondrial metabolite carriers. **Biomolecules**, v. 10, n. 7, p. 1008, 2020. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2218-273X/10/7/1008>. DOI:<https://doi.org/10.3390/biom10071008>. Acesso em: 21 de Mai. 2025.

IQBAL, N.; KUMAR, P. From Data Science to Bioscience: Emerging era of bioinformatics applications, tools and challenges. **Procedia Computer Science**, v. 218, p. 1516-1528, 2023. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1877050923001308> .Acesso em: 28 de jun. 2024.

KANG, C. et al. Genome-wide identification and characterization of the vacuolar H⁺-ATPase subunit H gene family in crop plants. **International journal of molecular sciences**, v. 20, n. 20, p. 5125, 2019. Disponível em: <https://www.mdpi.com/1422-0067/20/20/5125>. Acesso em: 24 de Mai. 2025.

KUMAR, S.; SHANKER, A. Bioinformatics Resources for the stress biology of plants. **Biotic and Abiotic Stress Tolerance in Plants**, p. 367-386, 2018.

Lee, CP; Millar, AH O transportoma mitocondrial da planta: Equilibrando demandas metabólicas com restrições energéticas. **Tendências Plant Sciences**. 2016 , 21 , 662–676. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27162080/>. Acesso em: 24 de mar. 2024.

LEE, Chun Pong; MILLAR, A. Harvey. The plant mitochondrial transportome: balancing metabolic demands with energetic constraints. **Trends in Plant Science**, v. 21, n. 8, p. 662-676, 2016. Disponível em: <https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/27162080/> .Acesso em: 24 de mar. 2024.

LIMA, B. C. et al. Atenuação do estresse por alta temperatura durante o estádio reprodutivo do feijoeiro-comum, em função da inoculação de *Bacillus subtilis*. 2020. Disponível em: <http://bdtd.unoeste.br:8080/tede/handle/jspui/1345> .Acesso em: 11 de Abr. de 2025.

Lima, M. T. Análise evolutiva dos fatores de transcrição AP2/ERF no reino vegetal. 2019. 60 f. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Biotecnologia) - Universidade Federal de Uberlândia, Patos de Minas, 2019. Disponível em:<https://repositorio.ufu.br/handle/123456789/27693>. Acesso em 25 de Abr. de 2025.

LIMA, S. L. S. Feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.): ação do armazenamento sobre a composição química e nutricional e efeito in vivo da farinha integral e de seu hidrolisado proteico no estresse oxidativo e na inflamação. 2017. Disponível em: <https://locus.ufv.br/server/api/core/bitstreams/23e0d83d-d742-4628-a801-1dd11f91e036/content> .Acesso em: 28 de jun. 2024.

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. 170068, 2018. Disponível em: <https://acsess.onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.3835/plantgenome2017.08.0068>. Acesso em: 24 de Mai. 2025.

MAROYI, A. Medicinal uses of the Fabaceae family in Zimbabwe: A review. **Plants**, v. 12, n. 6, p. 1255, 2023. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2223-7747/12/6/1255>. Acesso em 16 de Mai. 2025.

MI-ICHI, F. et al. Evidence that the Entamoeba histolytica mitochondrial carrier family links mitosomal and cytosolic pathways through exchange of 3'-phosphoadenosine 5'-phosphosulfate and ATP. **Eukaryotic cell**, v. 14, n. 11, p. 1144-1150, 2015. Disponível em: <https://journals.asm.org/doi/full/10.1128/ec.00130-15>. Acesso em: 16 de Mai. 2025.

MILLAR, A. H. ; HEAZLEWOOD, J. L. Análise genômica e proteômica de proteínas transportadoras mitocondriais em *Arabidopsis*. **Plant Physiology**, v. 131, n. 2, p. 443-453, 2003. Disponível em: <https://academic.oup.com/plphys/article-abstract/131/2/443/6102931?login=false>. Acesso em: 16 de Jun. 2025.

MØLLER, Ian Max *et al.* Proteomic and bioinformatic profiling of transporters in higher plant mitochondria. **Biomolecules**, v. 10, n. 8, p. 1190, 2020. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2218-273X/10/8/1190>. DOI: <https://doi.org/10.3390/biom10081190>. Acesso em: 09 de Jun. 2025.

MONNÉ, M. *et al.* Mitochondrial carriers for aspartate, glutamate and other amino acids: A review. **International journal of molecular sciences**, v. 20, n. 18, p. 4456, 2019. Disponível em: <https://www.mdpi.com/1422-0067/20/18/4456>. Acesso em: 23 de mar. 2024.

MONNÉ, M. *et al.* New insights into the evolution and gene structure of the mitochondrial carrier family unveiled by analyzing the frequent and conserved intron positions. **Molecular Biology and Evolution**, v. 40, n. 3, p. msad051, 2023. Disponível em: <https://academic.oup.com/mbe/article/40/3/msad051/7077214?login=false>. Acesso em: 22 de Mai. 2025.

MORAIS, G. M.; MARTINS, H. C.; SANTOS, V. F. Relatórios de sustentabilidade de empresas mineradoras no Brasil: Uma análise do seu alinhamento com a agenda de sustentabilidade global e especificidades locais. **Brazilian Journal of Development**, v. 6, n. 6, p. 39032-39059, 2020. Disponível em: <https://ojs.brazilianjournals.com.br/ojs/index.php/BRJD/article/view/11905>. Acesso em: 21 de Abr. de 2025.

NASCIMENTO, E. S. **Ferramenta web para descoberta e categorização de genes cry**. 2017. 107 f. Dissertação (Mestrado em Bioinformática) - Universidade Tecnológica Federal do Paraná, Cornélio Procópio, 2017. Disponível em: <https://repositorio.utfpr.edu.br/jspui/handle/1/3383>. Acesso em 25 de Abr. de 2025.

National Center for Biotechnology Information (NCBI). BLAST: Basic Local Alignment Search Tool. Disponível em: <<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>>. Acesso em: 15 jul. 2025.

NUNES, A. V. Estudo do papel das proteínas mitocondriais desacopladas na tolerância aos estresses abióticos empregando diferentes abordagens. 2010. Disponível em: <https://repositorio.unesp.br/server/api/core/bitstreams/ff9939c6-43f3-4209-a5b3-1c5e9fabd9a9/content>. Acesso em: 22 de Mai. 2025.

NUNES-NESI, A.; CAVALCANTI, J. H. F.; FERNIE, Alisdair R. Characterization of in vivo function (s) of members of the plant mitochondrial carrier family. **Biomolecules**, v. 10, n. 9, p. 1226, 2020. Disponível em: <https://www.mdpi.com/2218-273X/10/9/1226>. Acesso em: 23 de mar. 2024.

OLIVEIRA, A. E. R. Perfil de expressão e análise filogenética dos genes da proteína desacopladora mitocondrial durante o desenvolvimento e estresse em soja [*Glycine max* (L.) Merr.]. 2015. 185 f. Dissertação (Mestrado em bioquímica)- Universidade Federal do Ceará, Fortaleza-CE, 2015. Disponível em: <https://repositorio.ufc.br/handle/riufc/19392>. Acesso em: 19 de jun. 2025.

OLIVEIRA, L. F. C. et al. Conhecendo a fenologia do feijoeiro e seus aspectos fitotécnicos. **Embrapa Arroz e Feijão-Livro técnico (INFOTECA-E)**, 2018. Disponível em: <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/handle/doc/1098515>. Acesso em: 25 de Abr. de 2025.

OLIVEIRA, I. V. G. de et al. Potencial Fisiológico de Sementes de Feijão Crioulo. 2023. Disponivel em: <https://www.repositorio.ufal.br/handle/123456789/15626>. Acesso em: 05 de mai. 2025.

OLIVEIRA, A. et al. Electrical conductivity as Tool for evaluation of special beans: Electrical conductivity as Tool for evaluation of special beans. **Journal of Interdisciplinary Debates**, v. 6, n. 01, p. 27-46, 2025. Disponível em: <https://periodicojs.com.br/index.php/jid/article/view/2457/2422>. Acesso em: 16 de Mai. 2025.

PALMIERI, F.; MONNÉ, M. Discoveries, metabolic roles and diseases of mitochondrial carriers: a review. **Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Molecular Cell Research**, v. 1863, n. 10, p. 2362-2378, 2016. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S016748891630060X> .Acesso em: 23 de mar. 2024.

PALMIERI, F. et al. Evolution, structure and function of mitochondrial carriers: a review with new insights. **The Plant Journal**, v. 66, n. 1, p. 161-181, 2011. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/epdf/10.1111/j.1365-313X.2011.04516.x>. Acesso em 18 de jun. 2025.

PALMIERI, F. Mitochondrial metabolite carrier protein family. 2013. Disponível em: Acesso em: 12 de Mai. 2025.

PAULO, J. G. F. **Glioblastoma Multiforme: análise de dados ômicos para a caracterização do processo tumoral**. Trabalho de Conclusão de Curso, Graduação em Engenharia Biomédica, Universidade Federal do Rio Grande do Norte, 62p., 2024. Disponível em: <https://eb.ct.ufrn.br/wp-content/uploads/2024/11/TCC-JOAO-GABRIEL-FRAGOSO-PAULO.pdf>. Acesso em: 05 de mai. 2025

PLANCHAS, S. et al. BASIC AMINO ACID CARRIER 2 gene expression modulates arginine and urea content and stress recovery in *Arabidopsis* leaves. **Frontiers in Plant Science**, v. 5, p. 330, 2014. Disponível em: <https://www.frontiersin.org/journals/plant-science/articles/10.3389/fpls.2014.00330/full> . Acesso em: 22 de Mai. 2025.

PROSDOCIMI, F. Introdução à bioinformática. Curso Online. 2010. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/334259730_CURSO_ON_LINE_INTRODUCAO_A_BIOINFORMATICA. Acesso em: 25 de jan. 2024.

POUX, S. et al. On expert curation and scalability: UniProtKB/Swiss-Prot as a case study. **Bioinformatics**, v. 33, n. 21, p. 3454-3460, 2017. Disponível em: https://link.springer.com/protocol/10.1007/978-1-4939-3167-5_2. Acesso em: 16 de Mai. 2025.

REISER, L. et al. Usando o Arabidopsis Information Resource (TAIR) para encontrar informações sobre genes de Arabidopsis. **Current protocols**, v. 2, n. 10, p. e574, 2022. Disponível em: <https://currentprotocols.onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1002/cpz1.574>. Acesso em 20 de Abr. de 2025.

REOLON, C. Consulta a redes de interações de proteínas a partir da extração de dados biológicos 2011. Disponível em: <https://repositorio.ucs.br/handle/11338/1482>. Acesso em 20 de Abr. de 2025.

ROMERO, O. A. M.; ALMAZÁN, A. M. Mitocondrias, 2018. Disponível em: https://www.cibnor.mx/revista-rns/pdfs/vol4num1/01_MITOCONDRIAS. Acesso em: 22 de Mai. 2025. Acesso em 20 de Abr. de 2025.

RUPRECHT, J. J.; KUNJI, E. RS. The SLC25 mitochondrial carrier family: structure and mechanism. **Trends in biochemical sciences**, v. 45, n. 3, p. 244-258, 2020. Disponível em: [https://www.cell.com/trends/biochemical-sciences/fulltext/S0968-0004\(19\)30229-4?sf230190538=1](https://www.cell.com/trends/biochemical-sciences/fulltext/S0968-0004(19)30229-4?sf230190538=1). Acesso em: 12 de Mai. 2025.

SANTOS, A. C. S. et al. **Caracterização morfoagronômica e molecular de genótipos de feijão**. 2019. Dissertação de Mestrado. Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Disponível em: <https://repositorio.utfpr.edu.br/jspui/handle/1/4410>. Acesso em: 23 de jan. 2024.

SEIXAS, Flávio Augusto Vicente. **Ferramentas de bioinformática na caracterização de alvos de medicamentos**. 2016. Tese de Doutorado. UNIVERSIDADE ESTADUAL DE MARINGÁ. Disponível em: <https://pbc.uem.br/arquivos/mc7-2016>. Acesso em: 12 de Mai. 2025.

SILVA, A. D. et al. Caracterização de plantas daninhas em área rotacionada de milho e feijão-caupi em plantio direto. **Scientia Agropecuaria**, v. 9, n. 1, p. 7-15, 2018. Disponível em: http://www.scielo.org.pe/scielo.php?pid=S2077-99172018000100001&script=sci_abs tract. Acesso em: 06 de dez. 2023.

TAYLOR, E. B. Functional properties of the mitochondrial carrier system. **Trends in cell biology**, v. 27, n. 9, p. 633-644, 2017. Disponível em: [https://www.cell.com/trends/cell-biology/abstract/S0962-8924\(17\)30062-4](https://www.cell.com/trends/cell-biology/abstract/S0962-8924(17)30062-4). Acesso em: 16 de Mai. 2025.

TAVARES, B. R. Estabelecimento e regeneração in vitro de embriões maduros de *Phaseolus vulgaris*. 2023. Trabalho de Conclusão de Curso. Universidade Tecnológica Federal do Paraná. Disponível em:
<https://riut.utfpr.edu.br/jspui/handle/1/34038>. Acesso em: 24 de Mai. 2025.

TOLECO, M. R. et al. Plant mitochondrial carriers: Molecular gatekeepers that help to regulate plant central carbon metabolism. **Plants**, v. 9, n. 1, p. 117, 2020. Disponível em:<https://www.mdpi.com/2223-7747/9/1/117>. DOI:
<https://doi.org/10.3390/plants9010117> Acesso em: 24 de Mai. 2025.

TOKA, I. et al. Mutations in the hyperosmotic stress-responsive mitochondrial BASIC AMINO ACID CARRIER2 enhance proline accumulation in Arabidopsis. **Plant Physiology**, v. 152, n. 4, p. 1851-1862, 2010. Disponível em:
<https://academic.oup.com/plphys/article-abstract/152/4/1851/6108446?login=false>. Acesso em: 22 de Mai. 2025.

TSUTSUMI, C. Y.; BULEGON, L. G.; PIANO, J. T. Melhoramento genético do feijoeiro, avanços, perspectivas e novos estudos. **Nativa**, v. 3, n. 3, p. 217-223, 2015. Disponível em:
<https://periodicoscientificos.ufmt.br/ojs/index.php/nativa/article/view/2208> .Acesso em: 28 de jun. 2024.

UEBERSAX, M. A. et al. Feijão seco (*Phaseolus vulgaris* L.) como componente vital da agricultura sustentável e da segurança alimentar — Uma revisão. Ciência das leguminosas , v. 5, n. 1, p. e155, 2023. Disponível em:
<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1002/leg3.155>. Acesso em: 24 de Mai. 2025.

VAN AKEN, O. et al. Defining the mitochondrial stress response in *Arabidopsis thaliana*. **Molecular plant**, v. 2, n. 6, p. 1310-1324, 2009. Disponível em:
[https://www.cell.com/molecular-plant/fulltext/S1674-2052\(14\)60507-4](https://www.cell.com/molecular-plant/fulltext/S1674-2052(14)60507-4). Acesso em: 16 de jun. 2025.

VERLI, H. Bioinformática: da biologia à flexibilidade molecular. 2014. Disponível em:
<https://lume.ufrgs.br/bitstream/handle/10183/166105/001012172.pdf> .Acesso em: 22 de jan. 2024.

VINHOLIS, M. D. et al. Estimativa de custo de produção de grão de feijão guandu. **Embrapa Pecuária Sudeste-Circular Técnica (INFOTECA-E)**, 2019. Disponível em: <https://www.sidalc.net/search/Record/dig-infoteca-e-doc-1110699/Description> .Acesso em: 10 de Abr. de 2025.

XIA, En-Hua et al. Tea plant information archive: a comprehensive genomics and bioinformatics platform for tea plant. **Plant biotechnology journal**, v. 17, n. 10, p. 1938-1953, 2019. Disponível em:
<https://onlinelibrary.wiley.com/doi/full/10.1111/pbi.13111>. Acesso em: 25 de Abr. de 2025.