



**UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ - UFC**  
**CENTRO DE CIÊNCIAS**  
**DEPARTAMENTO DE BIOQUÍMICA E BIOLOGIA MOLECULAR - DBBM**  
**CURSO DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOQUÍMICA**

**ANTONIO EDSON ROCHA OLIVEIRA**

**PERFIL DE EXPRESSÃO E ANÁLISE FILOGENÉTICA DOS GENES DA  
PROTEÍNA DESACOPLADORA MITOCONDRIAL DURANTE O  
DESENVOLVIMENTO E ESTRESSE EM SOJA [*Glycine max* (L.) MERR.]**

**FORTALEZA – CE**

**2015**

**ANTONIO EDSON ROCHA OLIVEIRA**

**PERFIL DE EXPRESSÃO E ANÁLISE FILOGENÉTICA DOS GENES DA  
PROTEÍNA DESACOPLADORA MITOCONDRIAL DURANTE O  
DESENVOLVIMENTO E ESTRESSE EM SOJA [*Glycine max* (L.) MERR.]**

Dissertação submetida à coordenação do curso de Pós-Graduação *Stricto Sensu* em Bioquímica da Universidade Federal do Ceará, como parte dos requisitos para a obtenção do grau de Mestre em Bioquímica.

Orientador: Prof. José Hélio Costa, PhD.

**FORTALEZA – CE**

**2015**

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação  
Universidade Federal do Ceará  
Biblioteca de Ciências da Saúde

- 
- O45p Oliveira, Antonio Edson Rocha.  
Perfil de expressão e análise filogenética dos genes da proteína desacopladora mitocondrial durante o desenvolvimento e estresse em soja [*glycine max* (L.) Merr.] / Antonio Edson Rocha Oliveira. – 2015.  
185 f. : il. color.
- Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Ceará, Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular, Programa de Pós-Graduação em Bioquímica, Mestrado em Bioquímica, Fortaleza, 2015.  
Área de Concentração: Bioquímica Vegetal.  
Orientação: Prof. Pós-Dr. José Hélio Costa.
1. Proteína Desacopladora Mitocondrial. 2. Expressão Gênica. 3. Análise *in silico*. I. Título.

---

CDD 633.340072

**ANTONIO EDSON ROCHA OLIVEIRA**

**PERFIL DE EXPRESSÃO E ANÁLISE FILOGENÉTICA DOS GENES DA  
PROTEÍNA DESACOPLADORA MITOCONDRIAL DURANTE O  
DESENVOLVIMENTO E ESTRESSE EM SOJA [*Glycine max* (L.) MERR.]**

Dissertação submetida à coordenação do curso de Pós-Graduação *Stricto Sensu* em Bioquímica da Universidade Federal do Ceará, como parte dos requisitos para a obtenção do grau de Mestre em Bioquímica. Área de concentração Bioquímica Vegetal.

Aprovada em 30/04/2015

**BANCA EXAMINADORA**



Prof. José Hélio Costa  
Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular  
Universidade Federal do Ceará - UFC



Cândida Hermínia Campos de Magalhães Bertini  
Departamento de Fitotecnia  
Universidade Federal do Ceará - UFC



Vânia Marilande Ceccatto  
Instituto Superior de Ciências Biomédicas  
Universidade Estadual do Ceará- UECE

À minha família

## AGRADECIMENTOS

A **Deus**, que embora eu não acredite nele como a bíblia descreve, é onde eu busco forças para continuar a enfrentar todos os meus problemas.

À **minha família**, por todo apoio e incentivo que me dão para que eu consiga realizar meus sonhos.

Ao meu orientador **Prof. Dr José Hélio Costa**, por todo o apoio, paciência, atenção e o conhecimento transmitido. Devo ao senhor tudo o que aprendi sobre bioinformática.

À Prof<sup>a</sup> **Dr<sup>a</sup> Dirce Fernandes de Melo** por ter me acolhido em seu laboratório e por todo apoio e atenção que me forneceu durante todo esse tempo.

A todos os **integrantes do laboratório 2090** que estiveram presentes durante o meu período de mestrado, em especial a doutoranda **Kátia Daniella da Cruz Saraiva** por toda a ajuda fornecida até hoje, além de todos os ensinamentos sobre expressão gênica. Serei eternamente grato a você Kátia.

A todos os **colegas da pós-graduação em bioquímica** que de forma direta ou indireta ajudaram para a realização deste trabalho, em especial para meus três grandes amigos Antonio Eufrásio Viera Neto, Wallace Teixeira da Cruz e Ana Luíza Sobral Paiva, vulgarmente intitulados **“Pivetes da Bioquímica”**, sou grato por toda a amizade e apoio recebido por vocês.

Ao **Sifu Giovani Nunes** e todos os integrantes da **Moy fah**, pelos ensinamentos na arte do Kung Fu que sempre ajudaram a me manter em equilíbrio entre corpo e mente.

Aos meus **amigos de infância**, pela sincera amizade e momentos de descontração que ajudam a acalmar minha alma, coração e mente.

A **Universidade Federal do Ceará e todos os seus funcionários** que de maneira indireta contribuíram para a realização deste trabalho.

A **CAPES** por todo apoio financeiro fornecido para a pesquisa.

## RESUMO

Diversos estudos têm evidenciado que a principal função da proteína desacopladora mitocondrial de plantas (pUCP) está relacionada a regulação de espécies reativas de oxigênio (EROs). Análises *in silico* sugerem a existência de famílias multigênicas para a codificação de pUCPs, porém novos estudos ainda são necessários para estabelecer o perfil de expressão gênica das pUCPs, assim como a quantidade de genes em cada espécie e suas relações filogenéticas. O presente trabalho teve como objetivo caracterizar, analisar filogeneticamente e avaliar o perfil de expressão da família multigênica da pUCP em diferentes tecidos durante o desenvolvimento da soja [*Glycine max* (L.) MERR.] e em condições de estresse. Foi realizada uma análise *in silico* no genoma da soja e de outras leguminosas disponíveis no banco de dados WGS, revelando uma família multigênica codificadora da pUCP, UCP1 e 2 com nove éxons, UCP 3 com 2 éxons, e UCP 4 e 5 com apenas um éxon. Dentre as leguminosas analisadas a soja se destacou com o maior número de genes, 10 genes no total, sendo quatro genes *GmUCP1*, uma *GmUCP2*, uma *GmUCP3*, dois *GmUCP4* e dois *GmUCP5*, além da presença de um splicing alternativo no gene *GmUCP1b1*. Primers específicos foram desenhados para cada membro da *GmUCP* a fim de analisar os perfis de expressão em diferentes tecidos (semente seca e embebida, flores, vagens, cotilédones, folhas unifolioladas e trifolioladas, raízes, hipocótilos e epicótilos) durante o desenvolvimento da soja. Para os ensaios em condições de estresse foram utilizadas folhas e raízes de soja com treze dias após a semeadura (DAS) que foram submetidas a estresse osmótico promovido pela aplicação de polietileno glicol (PEG) e estresse biótico através de ácido salicílico (AS). O RNA total de cada amostra foi extraído para a realização de RT-qPCR. Os valores de ct foram obtidos pelo programa realplex e analisados pelo programa GeNorm. O perfil de expressão gênica mostrou que todos os genes *GmUCP* foram expressos em todos os tecidos/órgãos analisados durante o desenvolvimento da soja, com exceção de alguns genes em semente seca e epicótilo. Os diferentes perfis de expressão de cada gene durante o desenvolvimento de cada tecido/órgão sugerem que ocorra uma regulação gênica espacial/temporal entre os membros da *GmUCP*. Os perfis de expressão dos genes *GmUCP* em soja durante as condições de estresses foi diversificado, visto que 2 genes apresentaram expressão estável em ambos tecidos/estresse, 7 genes apresentaram queda do perfil de expressão, enquanto apenas 4 genes apresentaram aumento dos níveis de transcritos.

Palavras - chave: Proteína desacopladora mitocondrial; Expressão gênica; Análise *in silico*.

## ABSTRACT

Several studies have evidenced that the main function of the mitochondrial uncoupling protein in plants (pUCP) is related to reactive oxygen species (ROS) regulation. *In silico* analysis suggests the existence of multigenic families to pUCPs codification, however further studies are yet needed to establish the pUCPs genetic expression profile, just like the gene amount in each species and their phylogenetic relations. The current work had as objective to characterize, analyze phylogenetically and evaluate the expression profile of the pUCP multigenic family in different tissues during the soybean development [*Glycine max* (L.) MERR.] and in stress conditions. It has been performed an *in silico* analysis on the soybean genome and on other legumes available in the database WGS, revealing a codifier multigenic family for pUCP, UCP1 and 2 with 9 exons, UCP3 with 2 exons, and UCP4 and 5 with only 1 exon. Amongst the legumes analyzed, the soybean stood out with the greater number of genes, 10 genes in total, giving four *GmUCP1* genes, one *GmUCP2*, one *GmUCP3*, two *GmUCP4* and two *GmUCP5*, along with the presence of an alternative splicing on *GmUCP1b1* gene. Specific primers have been designed for each *GmUCP* member in order to analyze the expression profiles in different tissues (dry and doused seed, flowers, pods, cotyledons, unifoliate and trifoliate leaves, roots, hypocotyl and epicotyl) during the soybean development. For the assays in stress conditions have been used soybean leaves and roots with thirteen days after sowing (DAS) which have been subjected to osmotic stress caused by the application of polyethylene glycol (PEG) and biotic stress caused by salicylic acid (SA). The total RNA from each sample has been extracted in order to perform the RT-qPCR. The ct values have been obtained through the realplex program and analyzed through the GeNorm program. The genetic expression profile has shown that all genes were expressed in every tissue/organ analyzed during the soybean development, with the exception on some genes in dry seeds and epicotyl. The different expression profiles of each gene during the development of each tissue/organ suggest that occurs a spatial/temporal gene regulation among the *GmUCP* members. The expression profiles of the *GmUCP* genes in soybean during the stress conditions have varied, once 2 genes have shown steady expression in both tissues/ stress, 7 genes have shown a drop in the expression profile, while only 4 genes have shown an increase of the transcript levels.

Key words: Uncoupling protein; Gene expression; In silico analysis



## LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 – Principais partes que compõem a planta de soja .....	21
Figura 2 – Flor, vagem e semente da soja .....	21
Figura 3 – Relação filogenética da família das UCPs e carreadores mitocondriais com alta homologia .....	30
Figura 4 – Características estruturais da família de carreadores mitocondriais .....	31
Figura 5 – Estrutura da UCP2 .....	32
Figura 6 – Comparação da UCP2 e ANT1 .....	32
Figura 7 – Mecanismos de regulação para o transporte de próton através das UCPs mediados por ácidos graxos .....	34
Figura 8 – Esquema representativo da proteína AtPUMP1 contendo os motivos conservados .....	37
Figura 9 – Estrutura gênica das pUCPs de arroz e <i>Arabidopsis</i> .....	38
Figura 10 – Árvore filogenética não enraizada para UCPs/PUMPs e outras sequências de proteínas carreadoras mitocondriais .....	39
Figura 11 – Árvore filogenética de sequências de aminoácidos de transportadores mitocondriais de vários organismos .....	40
Figura 12 – Árvore filogenética das pUCPs em leguminosas .....	73
Figura 13 – Representação esquemática dos genes UCP1b1 e UCP1b1Spl .....	74
Figura 14 – Eletroforese em gel de agarose do RNA total .....	78
Figura 15 – Produto da PCR .....	79
Figura 16 – Curvas de dissociação .....	82

## LISTA DE GRÁFICOS

Gráfico 1 – Perfil de expressão das GmUCPs durante o desenvolvimento da soja.....	87
Gráfico 2 – Perfil de expressão das GmUCPs durante estresse com PEG e AS em folhas .....	93
Gráfico 3 – Perfil de expressão das GmUCPs durante estresse com PEG e AS em raízes .....	95

## LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Classificação botânica da soja (USDA) .....	19
Tabela 2 – Estádios de desenvolvimento da soja .....	22
Tabela 3 - Órgãos coletados e idade das plantas usadas para os ensaios durante o desenvolvimento .....	44
Tabela 4 – Componentes e volumes usados nas reações de transcrição reversa .....	50
Tabela 5 – Caracterização dos genes da UCPS em leguminosas e arabidopsis .....	54
Tabela 6 – Localização das UCPs nos cromossomos de leguminosas .....	57
Tabela 7 – Tamanho dos éxons das UCPs1 em leguminosas e arabidopsis .....	59
Tabela 8 – Tamanho dos éxons das UCPs2 em leguminosas e arabidopsis .....	60
Tabela 9 – Tamanho dos éxons das UCPs3 em leguminosas e arabidopsis .....	61
Tabela 10 – Tamanho dos éxons das UCPs4 em leguminosas e arabidopsis .....	61
Tabela 11 – Tamanho dos éxons das UCPs5 em leguminosas e arabidopsis .....	62
Tabela 12 – Tamanho dos transcritos, cDNAs e proteínas das UCPs do tipo 1 em leguminosas e arabidopsis .....	63
Tabela 13 – Tamanho dos transcritos, cDNAs e proteínas das UCPs do tipo 2 em leguminosas e arabidopsis .....	64
Tabela 14 – Tamanho dos transcritos, cDNAs e proteínas das UCPs do tipo 3 em leguminosas e arabidopsis .....	64
Tabela 15 – Tamanho dos transcritos, cDNAs e proteínas das UCPs do tipo 4 em leguminosas e arabidopsis .....	65
Tabela 16 – Tamanho dos transcritos, cDNAs e proteínas das UCPs do tipo 5 em leguminosas e arabidopsis .....	65
Tabela 17 – Análises das sequências de cDNAs em soja .....	66
Tabela 18 – Análises das sequências de proteínas em soja .....	67
Tabela 19 – Análises dos promotores dos cDNAs das UCPs em soja .....	67
Tabela 20 – Classificação do grupamento R de cada aminoácido .....	69
Tabela 21 – Comparação do tamanho dos transcritos, cDNAs e proteínas entre as UCP1b1 e UCP1b1Spl .....	74
Tabela 22 – Características dos iniciadores utilizados nas reações de PCR .....	75
Tabela 23 – Valores médios das concentrações e relações de absorvâncias dos RNAs	80
Tabela 24 – Genes normalizadores necessários para cada condição .....	83

Tabela 25 – Genes mais expressos durante o desenvolvimento da soja .....	86
Tabela 26 – Resumo das respostas dos genes GmUCPs aos estresses PEG e AS .....	92
Tabela 27 – Perfil de expressão de AtUCP1-2 no Genevestigator em condições de estresse .....	98
Tabela 28 – Membros de pUCP correspondendo a expressão do tecido e/ou estresse relacionado .....	101

## **LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS**

ANTs - Proteína carreadora de ADP/ATP

AOX - Oxidase Alternativa

AS - Ácido salicílico

BLAST - Basic Local Alignment Search Tool

cDNA - DNA complementar

DAS - Dias após a semeadura

DAF - Dias após a floração

DICs - dicarboxilato

DNA - Ácido desoxirribonucleotídeo

EROs - Espécies Reativas do Oxigênio

EST - Expressed sequence tags

FCM - Família de carreadores mitocondriais

NCBI - National Center for Biotechnology Information

PCR - Reação em cadeia da polimerase

PEG - Polietilenoglicol

PNBD - Domínio de Ligação aos Nucleotídeos Purínicos

pUCP - Proteína desacopladora de planta

PUMP - Proteínas Mitocondriais Desacopladoras de Plantas

REFSEQ\_RNA- Reference mRNA sequences

RNA- Ácido ribonucleotídeo

RT- Transcrição reversa

RT-qPCR- Transcrição reversa seguida de PCR quantitativa

SPTE- Sinal Protéico de Transferência de Energia

TSA - Transcriptome shotgun assembly

## SUMÁRIO

<b>1 INTRODUÇÃO</b> .....	<b>14</b>
<b>2 REVISÃO DE LITERATURA</b> .....	<b>16</b>
<b>2.1 Glycine max (L.) MERR</b> .....	<b>16</b>
<b>2.1.1 Origem e importância</b> .....	<b>16</b>
<b>2.1.2 Classificação botânica e características da planta</b> .....	<b>18</b>
<b>2.2 Condições de estresse</b> .....	<b>22</b>
<b>2.2.1 Estresse abiótico hídrico e polietileno glicol (PEG)</b> .....	<b>24</b>
<b>2.2.2 Estresse biótico e ácido salicílico (AS)</b> .....	<b>27</b>
<b>2.3 Proteína desacopladora mitocondrial (UCP)</b> .....	<b>28</b>
<b>2.4 Proteína desacopladora mitocondrial em plantas</b> .....	<b>35</b>
<b>3 OBJETIVOS</b> .....	<b>42</b>
<b>3.1 Objetivo geral</b> .....	<b>42</b>
<b>3.2 Objetivos específicos</b> .....	<b>42</b>
<b>4 MATERIAIS E MÉTODOS</b> .....	<b>43</b>
<b>4.1 Material vegetal</b> .....	<b>43</b>
<b>4.2 Condições de crescimento</b> .....	<b>43</b>
<b>4.2.1 Condições de crescimento em estresse e desenho experimental</b> .....	<b>44</b>
<b>4.3 Análises in silico</b> .....	<b>44</b>
<b>4.3.1 Identificação in silico dos genes da proteína desacopladora mitocondrial em Glycine max e outras leguminosas</b> .....	<b>44</b>
<b>4.3.2 Alinhamento das sequências e análise filogenética</b> .....	<b>45</b>
<b>4.3.3 Desenho dos oligonucleotídeos iniciadores</b> .....	<b>45</b>
<b>4.4 Análise da expressão gênica pela Reação em Cadeia da DNA Polimerase quantitativa em tempo real (RT- qPCR)</b> .....	<b>48</b>
<b>4.4.1 Extração de RNA total</b> .....	<b>47</b>
<b>4.4.2 Quantificação e pureza do RNA total</b> .....	<b>48</b>
<b>4.4.3 Integridade do RNA total e eletroforese do gel de RNA</b> .....	<b>48</b>
<b>4.4.4 Tratamento com DNase</b> .....	<b>49</b>
<b>4.4.5 Síntese de DNA complementar (cDNA)</b> .....	<b>49</b>
<b>4.4.6 Padronização para as reações de qPCR</b> .....	<b>49</b>

4.4.6.1 <i>Quantificação dos iniciadores específicos (PRIMERS)</i> .....	50
4.4.6.2 <i>Gradiente de temperatura</i> .....	50
<b>4.4.6.3 PCR</b> .....	<b>50</b>
4.4.6.4 <i>Eletroforese do cDNA amplificado</i> .....	51
4.4.6.5 <i>RT – qPCR</i> .....	51
<b>4.4.7 RT – qPCR</b> .....	<b>52</b>
<b>4.4.8 Análise dos dados de expressão por RT-qPCR</b> .....	<b>52</b>
<b>5 RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	<b>53</b>
<b>5.1 Caracterização da família multigênica da UCP em soja e outras leguminosas</b> .....	<b>53</b>
<b>5.2 Análises do tamanho dos transcritos, cDNAs e proteínas</b> .....	<b>58</b>
<b>5.3 Análises das sequências de cDNAs, proteínas e promotores das UCPs em soja</b> .....	<b>66</b>
<b>5.4 Análises das sequências específicas das UCPs</b> .....	<b>68</b>
<b>5.5 Análises das relações filogenéticas entre as UCPS de leguminosas</b> .....	<b>72</b>
<b>5.6 Splicing alternativo</b> .....	<b>74</b>
<b>5.7 Oligonucleotídeos iniciadores e temperatura de anelamento</b> .....	<b>75</b>
<b>5.8 Qualidade do RNA</b> .....	<b>76</b>
<b>5.9 Qualidade do cDNA obtido pela reação de transcrição reversa</b> .....	<b>77</b>
<b>5.10 Especificidade dos primers</b> .....	<b>77</b>
<b>5.11 Perfil de expressão da família multigênica da UCP em Glycine max .</b>	<b>83</b>
<b>5.11.1 Desenvolvimento</b> .....	<b>84</b>
<b>5.11.2 Estresse</b> .....	<b>91</b>
<b>6 CONCLUSÃO</b> .....	<b>102</b>
<b>REFERÊNCIAS</b> .....	<b>103</b>
<b>APÊNDICES</b> .....	<b>118</b>

# 1 INTRODUÇÃO

A energia necessária para a manutenção da estrutura e função celular provém do catabolismo de carboidratos, lipídeos e aminoácidos. Nas células eucarióticas estas fontes de energia passam por uma série de rotas metabólicas, iniciando-se no compartimento citosólico e dando continuidade nas mitocôndrias. Essas organelas são formadas por duas membranas, uma externa, responsável por controlar o fluxo de íons e metabólitos para o espaço intermembranas, e a membrana interna, altamente especializada e rica em proteínas, dentre as quais, componentes da cadeia respiratória e proteínas responsáveis pelo transporte de metabólitos.

No processo de oxidação biológica, substratos como carboidratos são oxidados para formar água e CO<sub>2</sub>. A oxidação biológica envolvendo o transporte de ATP ocorre na mitocôndria pela cadeia transportadora de elétrons (PLAXTON, 1996), utilizando o elétron na forma conservada de NADH (Nicotinamida-Adenina-Dinucleotídeo) e FADH<sub>2</sub> (Flavina-Adenina-Dinucleotídeo). Estes compostos são transferidos para a membrana mitocondrial interna, onde entram na cadeia transportadora de elétrons, doando elétrons.

O gradiente eletroquímico de prótons gerado pela cadeia transportadora de elétrons não é totalmente acoplado com a síntese de ATP, já que os prótons podem retornar para a matriz mitocondrial por intermédio de uma proteína presente na membrana mitocondrial interna, a proteína desacopladora mitocondrial (UCP; do inglês *Uncoupling Protein*).

Em eucariotos, as UCPs pertencem a um grupo distinto de proteínas dentro da família de carreadores mitocondriais (FCM), apresentando uma estrutura tripartida consistindo de três domínios repetidos, cada qual contendo duas regiões hidrofóbicas que formam  $\alpha$ -hélices transmembranas, e também um motivo altamente conservado denominado *Energy Transfer Proteins Signature* – P-x-[DE]-x-[LIVAT]-[RK]-x-[LRH]-[LIVMFY] (BORECKÝ *et al.*, 2001a). De maneira geral, as proteínas desacopladoras dissipam o gradiente eletroquímico de prótons gerados na respiração na forma de calor (NICHOLLS, 1999), sendo dependentes de ácidos graxos e sensíveis aos nucleotídeos purínicos.

Em plantas, a existência de uma proteína desacopladora mitocondrial só foi evidenciada a partir do isolamento de tubérculos de batata (*Solanum tuberosum*) por Vercesi *et al.* (1995), sendo atualmente conhecida pela comunidade científica pela sigla pUCP (do inglês *plant uncoupling protein*). Embora a função termogênica nunca tenha sido evidenciada como no caso da UCP1 de mamíferos, um estudo da co-expressão das proteínas dissipadoras de energia (oxidase alternativa-AOX e UCP) nos espádices da planta termogênica *Symplocarpus* seria



responsável pela produção de calor nesse órgão especializado (ONDA *et al.*, 2008), evidenciando um possível envolvimento dessas proteínas com a geração de calor. Além disso, diversas linhas de pesquisa têm evidenciado que a principal função do desacoplamento da respiração mitocondrial mediado pelas pUCPs é relacionada à regulação de espécies reativas de oxigênio (EROs) (KOWALTOWSKI *et al.*, 1998; PASTORE *et al.*, 2000).

Borecky e colaboradores (2006) identificaram uma família multigênica de pUCPs composta por seis membros (denominados de *AtPUMPI-6*) através da análise detalhada do genoma de *Arabidopsis thaliana*. Em uma análise similar utilizando esses seis genes de *Arabidopsis* como isca, os autores identificaram no transcriptoma de cana de açúcar, cinco sequências não redundantes (denominadas *SsPUMPI-5*) contendo regiões codificadoras cujos produtos eram altamente similares às UCPs/PUMP já descritas (BORECKÝ *et al.*, 2006). Tais análises *in silico* sugerem a existência de famílias multigênicas para a decodificação de pUCPs.

Diante do exposto é possível concluir que a função fisiológica das pUCPs ainda não está totalmente estabelecida, havendo indícios de sua participação em diferentes processos fisiológicos que vão desde a geração de calor ao controle indireto da produção de EROs, sendo então necessários vários estudos sobre a expressão gênica da proteína desacopladora mitocondrial em plantas, assim como análises *in silico* sobre a quantidade de genes em cada espécie e sua relação filogenética.

Portanto, o presente estudo visa caracterizar a família multigênica da proteína desacopladora mitocondrial da soja, identificando o número de genes pertencentes a esta família, bem como analisar filogeneticamente estes genes, comparando-os com genes homólogos de espécies pertencentes a outras leguminosas, espécies estas, com genoma sequenciado e disponível nos bancos de dados. Além desta caracterização *in silico*, ensaios de RT-qPCR em situações de estresse e durante o desenvolvimento da soja serão executados com o intuito de identificar quais genes se expressam mais em qual fase de desenvolvimento e quais as implicações em nível de expressão gênica quando submetidos a estresse.

## 2 REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1 *Glycine max* (L.) MERR

#### 2.1.1 *Origem e importância*

A soja é um importante alimento funcional utilizado no oriente há mais de cinco mil anos, constituindo a base alimentar do povo chinês e sendo considerada um dos cinco “grãos sagrados” essenciais à estabilidade desta civilização, demonstrando ter grande importância ao consumo desde aqueles tempos (BERGEROT, 2003).

Originada da Ásia, mais precisamente da China Antiga, foi disseminada para o ocidente através de navegações e iniciou o seu cultivo na América Latina somente no século passado, apresentando-se como um dos principais produtos agrícolas nacionais e ocupando lugar de destaque no país (CHUNG; SINGH, 2008; ITO; TANAKA, 1993).

O primeiro relato sobre o cultivo da soja deu-se em 1882 no estado da Bahia (BLACK, 2000), sendo posteriormente levada por imigrantes japoneses para São Paulo e somente em 1914 introduzida ao município de Santa Rosa no estado do Rio Grande do Sul por pequenos criadores como fonte de proteínas na alimentação de suínos e como adubo, sendo por fim este o estado onde a planta melhor se adaptou às condições edafoclimáticas, principalmente ao fotoperíodo (BONETTI, 1981; EMBRAPA, 2004).

Segundo Embrapa (2004), o cultivo da soja foi impulsionado pela política de subsídios ao trigo visando a autossuficiência a partir de 1960 e estabeleceu-se como cultura economicamente importante para o Brasil. Nessa década, a sua produção multiplicou-se por cinco (passou de 206 mil toneladas em 1960 para 1.056 milhões de toneladas em 1969), sendo que 98% desse volume eram produzidos nos três estados da região Sul. Tal concentração da produção deu-se pelo fato desta região ser o único local possível para o plantio da soja até 1970 por conta da necessidade dos climas temperados e subtropicais, porém com a evolução tecnológica foi possível a disseminação da soja ao longo dos estados da região Norte e Nordeste do país.

A implantação de programas de melhoramento de soja no Brasil possibilitou o avanço da cultura para as regiões de baixas latitudes, através do desenvolvimento de cultivares mais adaptados por meio da incorporação de genes que atrasam o florescimento mesmo em

condições de fotoperíodo indutor, conferindo a característica de período juvenil longo (KIIHL ; GARCIA, 1989).

Dentre as oleaginosas produzidas no Brasil, a soja destaca-se como a mais importante desde 1951, com a primeira “Campanha da Soja”, nota-se uma expansão de sua cultura e desde então tem apresentado crescimento constante em virtude da demanda crescente (GRAZIANO, 1997, p. 457).

Segundo Black (2000), do total mundial de produção das sete oleaginosas: soja, algodão, amendoim, girassol, colza, linho e palma, estimada em 280 milhões de toneladas, a soja participa com cerca de 56% ou seja, cerca de 157 milhões de toneladas, sendo a leguminosa de maior expressão econômica do planeta, com teor de óleo compreendido entre 20 e 22% e apresentando alto teor de proteína, de 40 a 42% nas variedades difundidas, características essas que levaram à formação de um complexo industrial destinado ao seu processamento.

Atualmente a soja (*Glycine max* (L.) Merrill) é uma das mais importantes culturas na economia mundial. Seus grãos são muito usados pela agroindústria (produção de óleo vegetal e rações para alimentação animal), indústria química e de alimentos. Recentemente, vem crescendo também o uso como fonte alternativa de biocombustível (COSTA NETO; ROSSI, 2000).

Grande incremento na produção mundial de soja pode ser atribuído a diversos fatores, dentre os quais merecem destaque: o elevado teor de óleo (ao redor de 20%) e proteínas (em torno de 40%) de excelentes qualidades encontradas no grão; a soja é uma commodity padronizada e uniforme, podendo, portanto, ser produzida e negociada por produtores de diversos países, apresentando alta liquidez e demanda; e sobretudo nas últimas décadas, houve expressivo aumento da oferta de tecnologias de produção, que permitiram ampliar significativamente a área cultivada e a produtividade da oleaginosa (LAZZAROTTO; HIRAKURI, 2010).

Há ainda a utilização de variedades transgênicas na produção, que geram maior rendimento e resistência da planta a doenças, como forma de aumentar a qualidade da produção, a fim de expandir a produtividade por unidade de planta e gerar maior aproveitamento das sementes (PAULA; FAVERET, 2005).

Dentre os fatores que contribuem para o aumento no consumo mundial de soja está principalmente o crescente poder aquisitivo da população nos países em desenvolvimento, o que vem provocando uma mudança no hábito alimentar. Assim, observa-se cada vez mais a

troca de cereais por carne bovina, suína e de frango. Tudo isso, resulta numa maior demanda de soja, ingrediente que compõe 70% da ração para esses animais (VENCATO *et al.*, 2010).

Apesar de tudo, dentre os grandes produtores mundiais (Estados Unidos o maior produtor, Brasil na segunda posição e em terceiro a Argentina), o Brasil apresenta a maior capacidade de multiplicar a atual produção, tanto pelo aumento da produtividade, quanto pelo potencial de expansão da área cultivada. O cenário otimista de um país que tem para onde e como crescer a sua produção, projeta um salto produtivo na cultura de mais de 40% até 2020, enquanto que nos Estados Unidos, o crescimento no mesmo período deverá ser no máximo de 15%. Até 2020, a produção brasileira deve ultrapassar a barreira dos 100 milhões de toneladas, podendo assumir a liderança mundial na produção do grão (VENCATO *et al.*, 2010). Segundo a Associação Brasileira das Indústrias de Óleos Vegetais – ABIOVE, o Brasil deve estar exportando em torno de 48,7 milhões de toneladas de soja no ano de 2015.

### ***2.1.2 Classificação botânica e características da planta***

De acordo com Sedyama (2009), a soja é uma leguminosa dicotiledônea pertencente ao reino Plantae, divisão Magnoliophyta, classe Magnoliopsida, ordem Fabales, família Fabaceae (Leguminosae), subfamília Faboideae (Papilionoideae), gênero *Glycine*, espécie *Glycine max* e forma cultivada *Glycine max* (L.) Merrill (TABELA 1).

A soja é uma planta considerada como pertencente a uma cultura anual, herbácea, ereta, autógama, apresentando variabilidade em relação as características morfológicas, que ainda podem ser influenciadas pelo ambiente, como a altura que pode variar de 30 a 200 cm, apresentando mais ou menos ramificações (SEDIYAMA, 2009).

As cultivares de soja possuem ciclos que podem variar de 75 a 200 dias, contados da emergência até a maturação. São reunidas em grupos de maturação de acordo com o ciclo (precoces, semiprecoces, médios, semitardios e tardios), porém quanto ao número de dias estes grupos são divergentes entre as cultivares e as diversas regiões de adaptação, sendo assim, uma mesma cultivar pode alcançar diferentes ciclos dependendo das condições de manejo e principalmente das condições edafoclimáticas entre regiões distintas, a respeito da latitude e a altitude (EMBRAPA, 2006). A maioria das cultivares adaptadas para as condições brasileiras apresentam ciclo de 90 a 150 dias (SEDIYAMA, 2009).

Tabela 1 – Classificação botânica da soja (USDA)

Classificação botânica	
Reino	Plantae
Divisão	Magnoliophyta
Classe	Magnoliopsida
Ordem	Fabales
Família	Fabaceae
Subfamília	Faboideae
Tribo	Phaseolae
Subtribo	Phaseolinae
Gênero	Glycine
Espécie	Glycine max

Fonte: Departamento de Agricultura dos Estados Unidos – USDA

O sistema radicular da soja (FIGURA 1) é constituído de raiz axial principal (pivotante) bem desenvolvida e de raízes secundárias distribuídas em quatro ordens, (FEHR; CAVINESS, 1977; MÜLLER, 1981). Suas raízes também são ricas em nódulos, resultantes da simbiose com bactérias do gênero *Bradirhizobium*, que fixam o nitrogênio do ar presente no solo e repassam para planta na forma de nitrato em troca de hidratos de carbono, reduzindo então os gastos com adubação nitrogenada (MASCARENHAS *et al.*, 2005).

O caule (FIGURA 1) é do tipo herbáceo, ereto com porte variável de 0,60 m a 1,50 m, ramificado e pubescente, desenvolvendo-se a partir do eixo embrionário, após o início da germinação. Na maioria das cultivares seu crescimento é do tipo ortótopo, podendo sofrer influências das condições externas. Quanto ao seu hábito de crescimento, este pode variar de acordo com as características do ápice do caule principal, podendo ser de crescimento determinado ou indeterminado (FEHR; CAVINESS, 1977; EMBRAPA, 2004; MÜLLER, 1981).

As folhas (FIGURA 1) são alternadas, longas pecioladas, compostas de três folíolos ovalados ou lanceolados, de comprimento variável entre 0,5 a 12,5 cm. Ao longo do ciclo de

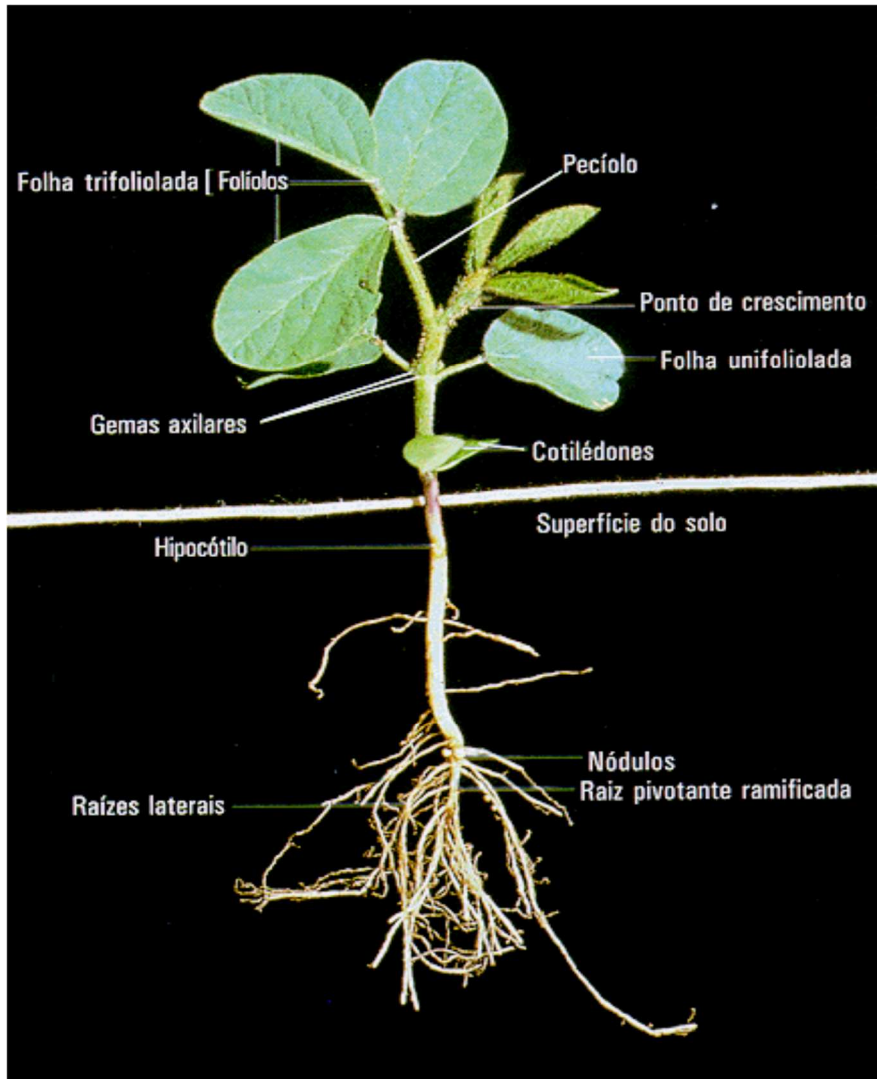
vida a soja possui três tipos de folhas: as cotiledonares, as simples ou unifolioladas e as compostas ou trifoliadas; todas com tamanho, formato e posicionamentos diferentes. Na maioria das variedades as folhas amarelam à medida que os frutos amadurecem e caem quando as vagens estão maduras (EMBRAPA, 2004; SEDIYIAMA, 2009).

Segundo Sedyama (2009) e Embrapa (2004), a soja possui flores completas e ocorrem em racínos curtos, terminais ou axilares, de coloração branca, amarela ou violácea, dependendo da variedade, variando de 2 a 35 por racemo (FIGURA 2a). Sua abertura ocorre pela manhã, de acordo com condições de temperatura e umidade. O fruto é do tipo vagem achatada, pubescentes, de cor cinza, amarela palha ou preta, dependendo da variedade, e pode chegar a 400 por planta, com número de grãos variando de um a cinco por vagem (FIGURA 2b). Contudo, a maioria das cultivares apresenta vagens com dois ou três grãos. Suas sementes (FIGURA 2c) possuem variações quanto à forma (arredondada, achatada ou alongada), tamanho e cor (o comércio prefere as sementes amarelas).

A soja é classificada como planta de dias curtos, ou seja, precisa de um mínimo de horas de noite ou escuro para indução floral, mas existe uma ampla variabilidade genética de resposta às exigências fotoperiódicas (EMBRAPA, 2004). As cultivares convencionais, na grande maioria, são altamente sensíveis a mudanças entre latitudes ou datas de semeadura, devido às suas respostas às variações no fotoperíodo (BONATO; VELLO, 1999). Nas regiões tropicais, os fotoperíodos mais curtos durante a estação de crescimento da soja reduzem o período vegetativo (florescimento precoce) e causam reduções no porte das plantas e conseqüentemente na produtividade. Há relatos de alguns genótipos insensíveis ou neutros aos efeitos do fotoperíodo (ALMEIDA *et al.*, 1999), porém esses genótipos são muito precoces para serem usados no desenvolvimento de cultivares para as médias e baixas latitudes no Brasil.

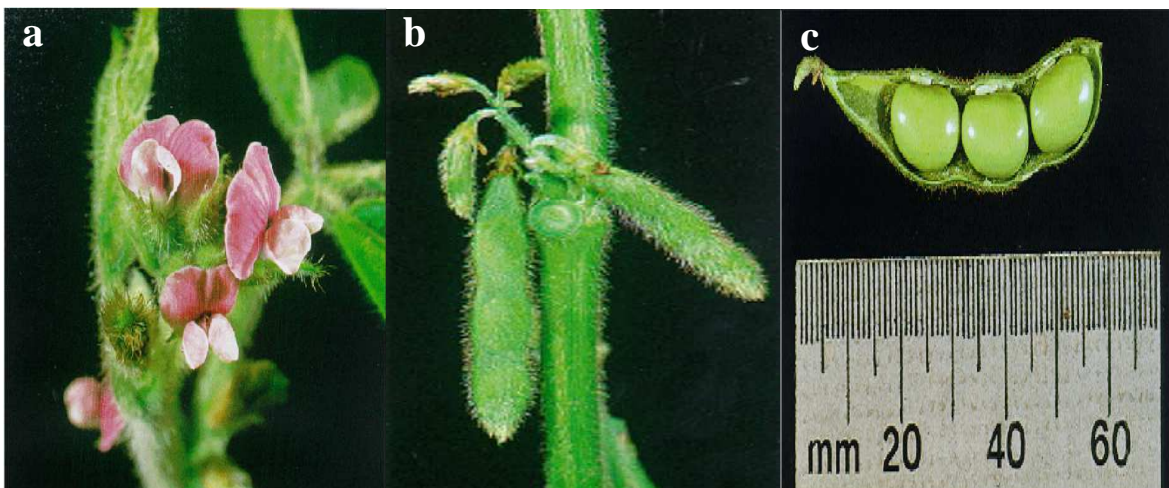
Ferh e Caviness (1977) propuseram uma metodologia, utilizada mundialmente, para descrição dos dois estádios fenológicos da soja (vegetativo e reprodutivo) durante todo o ciclo da planta. O vegetativo, compreendido entre a emergência e o início do florescimento, e o reprodutivo, correspondente ao período entre o início do florescimento e à maturação (TABELA 2).

Figura 1 – Principais partes que compõem a planta de soja



Fonte: Associação Brasileira para Pesquisa da Potassa e do Fosfato

Figura 2 – Flor, vagem e semente da soja



Fonte: Associação Brasileira para Pesquisa da Potassa e do Fosfato

Tabela 2 – Estádios de desenvolvimento da soja

<b>Estádio</b>	<b>Denominação</b>	<b>Descrição</b>
VE	Emergência	Cotilédones acima da superfície do solo
VC	Cotilédone	Cotilédones completamente abertos
V1	Primeiro nó	Folhas unifolioladas completamente desenvolvidas
V2	Segundo nó	Primeira folha trifoliolada completamente desenvolvida
V3	Terceiro nó	Segunda folha trifoliolada completamente desenvolvida
V4	Quarto nó	Terceira folha trifoliolada completamente desenvolvida
V5	Quinto nó	Quarta folha trifoliolada completamente desenvolvida
V6	Sexto nó	Quinta folha trifoliolada completamente desenvolvida
V...	.....	.....
Vn	Enésimo nó	Anti-enésima folha trifoliolada completamente desenvolvida
R1	Início do florescimento	Uma flor aberta em qualquer nó do caule (haste principal)
R2	Florescimento pleno	Uma flor aberta num dos dois últimos nós do caule com folha completamente desenvolvida
R3	Início da formação da vagem	Vagem com 5 mm de comprimento num dos quarto últimos nós do caule com folha completamente desenvolvida
R4	Vagens completamente desenvolvidas	Vagem com 2 cm de comprimento num dos quarto últimos nós do caule com folha completamente desenvolvida
R5	Início do enchimento do grão	Grão com 3 mm de comprimento em vagem num dos quarto últimos nós do caule com folha completamente desenvolvida
R6	Grão cheio ou completo	Vagem contendo grãos verdes preenchendo as cavidades da vagem um dos quarto últimos nós do caule com folha completamente desenvolvida
R7	Início da maturação	Uma vagem normal no caule com coloração madura
R8	Maturação plena	95% das vagens com coloração madura

Fonte: Fehr e Caviness, 1977

Observações:

1. Nó cotiledonar não é considerado.
2. Uma folha é considerada completamente desenvolvida quando as bordas do trifólio da folha seguinte não mais se tocam.
3. Caule significa a haste principal da planta.
4. A expressão “últimos nós” refere-se aos últimos nós superiores.

## 2.2 Condições de estresse

As plantas, assim como todos os outros seres vivos, podem sofrer agressões causadas por diversos fatores ambientais, sejam eles agentes bióticos ou abióticos. Apesar dos vegetais não apresentarem defesas através de movimentos ágeis diante do seu modo de vida sésstil, podem ocorrer adaptações e profundas alterações no metabolismo da célula vegetal, entre elas a síntese de proteínas de defesas, expressa por genes específicos, ativados através de



mecanismos complexos (BUSAM; KASSEMEYER; MATTERN, 1997; PINHEIRO *et al.*, 1999).

Estes diversos fatores ambientais podem levar ao estresse oxidativo e conseqüentemente, a produção descontrolada de espécies reativas de oxigênio (EROs), que são extremamente tóxicas aos vegetais. Para combater essas EROs as plantas dispõem de um sistema de defesa composto por antioxidantes enzimáticos e não enzimáticos, que trabalham em conjunto e em sincronia limpando as EROs produzidas e desintoxicando as células, fazendo com que os vegetais superem a situação de estresse e recuperem a homeostase celular (ROSSI, 2012). Em plantas, as EROs podem ser produzidas em reações ocorridas nas mitocôndrias, cloroplastos e peroxissomos (FOYER; NOCTOR, 2000).

Radicais livres são formados tanto sob condições de estresse oxidativo quanto pelas reações normais da cadeia de transporte de elétrons, mas que são altamente reguladas (CHAUI *et al.*, 1997; GREGGAINS *et al.*, 2000; MAZHOUDI *et al.*, 1997), contudo esta regulação pode ser perdida se o estresse for mais severo, aumentando então consideravelmente a produção de radicais livres que podem levar a uma cascata de eventos que, começando com a peroxidação de lipídeos, avançam para degradação de membranas e para morte celular (GREGGAINS *et al.*, 2000).

No estado molecular o  $O_2$  é pouco reativo, porém o metabolismo aeróbico produz inevitavelmente EROs como o radical superóxido ( $O_2^{\cdot-}$ ), dotado de baixa capacidade oxidativa, peróxido de hidrogênio ( $H_2O_2$ ), capaz de romper a membrana nuclear e causar danos ao DNA, radical hidroxil ( $\cdot OH$ ), com baixa capacidade de difusão, porém alta reatividade, provocando lesões em uma série de moléculas em meio celular e o oxigênio “singlet” ( $^1O_2$ ) (SCANDALIOS; ACEVEDO; RUZSA, 2000).

Todas as EROs são extremamente reativas e citotóxicas, o  $\cdot OH$  e o  $^1O_2$  são tão reativos que suas produções devem ser minimizadas rapidamente, o  $H_2O_2$  quando em alta concentração na célula inibe a fixação de carbono, uma vez que muitas enzimas do ciclo de Calvin são extremamente sensíveis ao  $H_2O_2$  (SCANDALIOS; ACEVEDO; RUZSA, 2000).

Quando comparado aos demais radicais o  $O_2^{\cdot-}$  e o  $H_2O_2$  são relativamente pouco reativos, mas quando em presença de íons metálicos como o Fe, por exemplo, ativam uma seqüência de reações que levam a formação de  $\cdot OH$  na reação de Haber-Weiss (BOWLER; VANMONTAGU; INZÉ, 1992).

O  $\cdot OH$  tem um grande potencial oxidativo atacando sem discriminação qualquer macromolécula, levando a sérios danos celulares, causando peroxidação lipídica, desnaturação

protéica, e mutação no DNA, podendo levar a disfunções metabólicas irreparáveis e até morte celular (BOWLER; VANMONTAGU; INZÉ, 1992; SCANDALIOS; ACEVEDO; RUZSA, 2000). O  $1O_2$ , formado a partir da transferência da energia de ativação para o  $O_2$ , também produz efeitos deletérios (BOWLER; VANMONTAGU; INZÉ, 1992).

De acordo com Foyer *et al.* (1997) o aumento nos oxidantes celulares pode levar a super expressão de genes de enzimas de desintoxicação como as superóxido dismutases (SOD) (GIANNOPOLITIS; RIES, 1977), catalase (CAT), peroxidase (PRX) e enzimas do ciclo ascorbato-glutationa (BAILLY *et al.*, 1998; SUNG; JENG, 1994) como parte de uma estratégia requerida para superar o estresse oxidativo.

São inúmeros os fatores que podem contribuir para o aumento dos níveis de EROs, radiação UV, luminosidade intensa, herbicidas, ataque de patógenos, certas injúrias, hiperoxia, ozônio, flutuações na temperatura (SCANDALIOS; ACEVEDO; RUZSA, 2000), seca, metais pesados, concentração elevada de sais, extremos de temperatura, poluição do ar (MALLICK; MOHN, 2000).

### **2.2.1 Estresse abiótico hídrico e polietileno glicol (PEG)**

A água constitui aproximadamente 90% do peso da planta, atuando praticamente em todos os processos fisiológicos e bioquímicos de uma planta, desempenhando um papel importante na regulação térmica de calor, além de características funcionais de preenchimento, meio de transporte, solvente para reações celulares e processos entre outros (CAMPBELL, 1991; EMBRAPA, 2008).

A seca é um estresse abiótico que pode diminuir o rendimento médio da maioria das culturas em mais de 50% (BRAY, 2004), e está relacionada à diminuição do conteúdo de água no solo, submetendo as plantas ao déficit hídrico (PAIVA; OLIVEIRA, 2006). A resposta das plantas frente à falta de água é considerada uma síndrome, ou seja, um grupo de respostas simultâneas (LAWLOR, 2002; MITTLER, 2006).

A capacidade da planta para manter suas atividades metabólicas enquanto desidratada é mediada por respostas celulares que incluem mudanças: no seu ciclo, no sistema de endomembranas e vacuolização; bem como alterações na arquitetura da parede celular (MENESES *et al.*, 2006).

A série de respostas (mudanças) causada pela seca nas plantas é de ordem fisiológica, bioquímica, morfológica e molecular (LEI; TONG; SHENGYAN, 2006; WANG *et al.*, 2001),

por alterações em seu metabolismo, crescimento e desenvolvimento (BARTELS; SUNKARS, 2005). Quando a regulação por meio dessas respostas é inadequada e o metabolismo não se ajusta para a manutenção das funções, estas podem resultar em danos e eventual morte (LAWLOR, 2002).

As plantas alteram o metabolismo de diferentes maneiras, para acomodarem-se ao estresse ambiental (TAIZ; ZEIGER, 2004), como aumentando a produção de ácido indolacético, oxidoredutases e acumulando sacarose no interior dos vacúolos celulares. Além disso, a eficiência no uso de água é de grande importância para a sobrevivência em condições de baixa disponibilidade hídrica, uma vez que a absorção contínua de água é determinante para o crescimento e desenvolvimento vegetal (PIMENTEL, 2004).

As respostas das plantas ao déficit hídrico mudam dependendo da espécie e genótipo, do comprimento e intensidade de perda de água, idade e estágio de desenvolvimento, do órgão e do tipo e compartimento celular (BARTELS; SUNKARS, 2005; RAMPINO *et al.*, 2006; ZHU *et al.*, 2005). Tais respostas ocorrem dentro de poucos segundos ou em minutos e horas, dependendo se a ocorrência do déficit é rápida ou gradual (SANTOS; CARLESSO, 1998). Adaptações incluem processos a curto (bioquímico) e longo prazo, como mudanças morfológicas do hábito da planta (BARTELS; SUNKAR, 2005; BECK *et al.*, 2007).

Sob estresse hídrico as plantas também podem alterar a espessura, a área foliar e características anatômicas (LAMBERS; CHAPIN; PONS, 1998), assim como, a taxa de transpiração, a condutância estomática e a taxa fotossintética (CALBO; MORAES, 2000).

A limitação da fotossíntese, que reduz o consumo de elétrons liberados da água, causa o excesso de energia de excitação, que se não for eliminado com segurança pode ocasionar danos (LAWLOR, 2002; MULLER; LI; NIYOGI, 2001). Quando a energia armazenada nas clorofilas, ou seja, o estado excitado da clorofila não é rapidamente dissipado pela transferência de excitação ou fotoquímica, ela pode reagir com o oxigênio, formando as chamadas espécies reativas de oxigênio (ROS, do inglês reactive oxygen species), que incluem o singlete ( $^1O_2$ ), ânions radicais de superóxidos ( $O_2^{\bullet-}$ ), radicais hidroxilas ( $OH^{\bullet}$ ) e peróxidos de hidrogênio ( $H_2O_2$ ) (APEL; HIRT, 2004; ASADA, 1999; BARTELS, 2001; CHAVES; MAROCO; PEREIRA, 2003; SMIRNOFF; BRYANT, 1999). Estas espécies são as responsáveis por danos fotooxidativos, principalmente em proteínas (D1) do centro de reação do fotossistema II, por destruírem componentes da membrana dos tilacóides, em especial os lipídeos (LAWLOR;

CORNIC, 2002). A fotoinibição chega a ocorrer somente em condições de estresse hídrico muito severo e com quase completamente os estômatos fechados (FLEXAS; MEDRANO, 2002).

Diferentes espécies têm desenvolvido fascinantes mecanismos para enfrentar a baixa quantidade de água no substrato, evitando-a ou tolerando-a (LAMBERS; CHAPIN; PONS, 1998), através de modificações na morfologia externa, na histologia, na citologia e na fisiologia da planta (DICKISON, 2000).

Compreender como as plantas respondem ao déficit hídrico e a identificação dos mecanismos de tolerância à seca é fundamental para predizer os impactos na produção das culturas (BARTELS; SUNKAR, 2005), além de ser crucial no desenvolvimento de cultivares de soja mais tolerantes (CASAGRANDE *et al.*, 2001).

Alguns compostos como o polietileno glicol-6000 e o manitol estão sendo comumente utilizados para simular condições de déficit hídrico por serem compostos quimicamente inertes e não tóxicos (TAMBELINI; PEREZ, 1998).

O polietilenoglicol (PEG-6000) tem sido utilizado com sucesso em trabalhos de pesquisa para simular os efeitos do déficit hídrico nas plantas, especialmente por não penetrar nas células, não ser degradado e não causar toxidez, devido ao seu alto peso molecular. Ele atua como um agente osmótico que simula um determinado potencial osmótico ( $\Psi_{os}$ ) que pode ser estabelecido pela equação de Van't Hoff (HARDEGREE; EMMERICH, 1994; SOUZA; CARDOSO, 2000).

Segundo Tobe, Li e Omasa (2000), os sais ocasionam inibição do crescimento, tanto pelo efeito osmótico, ou seja, a seca fisiológica produzida, como pelo efeito tóxico, resultante da concentração de íons no protoplasma. A deficiência hídrica provoca alterações no comportamento vegetal cuja irreversibilidade vai depender do genótipo, da duração, da severidade e do estágio de desenvolvimento da planta. Assim, pesquisas têm sido direcionadas a fim de compreender as respostas das plantas ao déficit hídrico; sendo necessário um programa amplo, multidisciplinar, que possa entender tais respostas (SANTOS; CARLESSO, 1998).

### 2.2.2 *Estresse biótico e ácido salicílico (AS)*

As plantas produzem uma grande variedade de metabólitos secundários baseados em um grupo fenol (um grupo hidroxila funcional em um anel aromático). Tais substâncias são classificadas como compostos fenólicos, os quais constituem um grupo quimicamente heterogêneo, com aproximadamente 10000 compostos, alguns solúveis em solventes orgânicos, outros são ácidos carboxílicos e glicosídeos solúveis em água e há ainda, aqueles que são grande polímeros insolúveis (TAIZ; ZEIGER, 2004).

Os compostos fenólicos apresentam uma variedade de funções nos vegetais, muitos agem como compostos de defesa contra herbívoros e patógenos (estresse biótico). Outros têm função de suporte mecânico, como atrativo de polinizadores ou dispersores de frutos, na proteção contra a radiação ultravioleta ou reduzindo o crescimento de plantas competidoras adjacentes (TAIZ; ZEIGER, 2004).

A rápida produção de espécies reativas de oxigênio (EROS), chamado de "explosão oxidativa" é uma estratégia bem-sucedida da planta para o reconhecimento de patógenos (LAMB; DIXON, 1997; TORRES; JONES; DANGL, 2006).

Existem diversas teorias sobre as funções para a produção de EROs em resposta à patógenos. No entanto, evidências sugerem que as EROs possuem uma função de sinalização mediando a ativação de genes de defesa e criação de defesas adicionais, pelo controle redox de fatores transcricionais ou pela interação com outros componentes de sinalização, como cascata de fosforilação (KOVTON *et al.* 2000, MOU; FAN; DONG, 2003).

Outra característica da sinalização de EROs é sua interação com outros sinais e hormônios vegetais. EROs formam complexos circuitos de regulação com sinalização de cálcio e cascatas de fosforilação. Muitas funções regulatórias das EROs durante a defesa da planta têm sido associadas com hormônios como o ácido salicílico (AS) e o óxido nítrico (ON) (TORRES; JONES; DANGL, 2006).

O ácido salicílico pertence ao grupo bastante diverso dos compostos fenólicos usualmente definidos como substâncias com um anel aromático ligado a um grupo hidroxil ou ao seu derivado funcional. O ácido salicílico, denominado após ser encontrado na casca de *Salix*, é amplamente distribuído nas plantas tanto nas folhas quanto nas estruturas reprodutivas, (KERBAUY, 2008) é um regulador de crescimento vegetal, derivado do ácido benzoico, que está envolvido na resistência sistêmica a patógenos vegetais, assim como na defesa das plantas

contra o ataque de microrganismos como fungos, bactérias e vírus (METRAUX, 2001; TAIZ; ZEIGER, 2004).

A aplicação exógena do ácido salicílico (AS) pode influenciar uma série de processos em diversas plantas, incluindo a germinação das sementes, taxa de crescimento, condutância estomática, absorção e transporte de íons, permeabilidade da membrana, dentre outros (HORVATH *et al.* 2007). O ácido salicílico também é usado para prolongar a duração de flores de corte a partir da inibição da biossíntese do etileno (KERBAUY, 2008).

O ácido salicílico, quando aplicado em baixas concentrações, causa estresse oxidativo em plantas, atuando como um elicitador biológico e aumentando a capacidade antioxidante de plantas (HORVATH ; SZALAI; JANDA, 2007).

O termo elicitador biológico, usualmente se refere a macromoléculas, originadas tanto das plantas, como dos patógenos, as quais são capazes de estimular as respostas das plantas a patógenos. Uma ampla gama de compostos, incluindo oligossacarídeos, glicoproteínas e peptídeos, pode mediar a indução das reações de defesa nas plantas (JUNG *et al.*, 2000, KÚC, 2000). Diante disto fica possível utilizar o ácido salicílico como um simulador de estresse biótico a fim de permitir pesquisas das implicações que este estresse possui em determinados tecidos da planta.

### **2.3 Proteína desacopladora mitocondrial (UCP)**

As proteínas desacopladoras mitocondriais (UCPs) são encontradas em diversos organismos, de mamíferos a plantas. As UCPs foram inicialmente denominadas de termoginina ou proteína de ligação ao GDP (guanosina-difosfato) (NICHOLLS, 2001). Porém, após a identificação de uma proteína de 32 kDa em tecido adiposo marrom de camundongos por Ricquier e Kader (1976), sua devida caracterização com a sigla UCP (uncoupling protein) passou a ser oficialmente empregada, sendo esta chamada de UCP1 (*uncoupling protein 1*).

Até o momento foram descobertas cinco isoformas (proteínas com a mesma função, mas codificadas por genes distintos) em mamíferos, as quais foram numeradas de acordo com a ordem de suas descobertas, UCP1-5 (DONATELLI *et al.*, 2013).

Transcritos da UCP1 foram encontrados em tecido adiposo marrom, UCP2 em vários tecidos (fígado, cérebro, pâncreas, tecido adiposo, células imunitárias, baço, rim e sistema nervoso central), UCP3 em músculo e tecido adiposo (ANDREWS; DIANO; HORVATH, 2005; ARSENIJEVIC *et al.*, 2000; KONG *et al.*, 2010; KRAUSS; ZHANG; LOWELL, 2005;

LEDESMA; DE LACOPA; RIAL, 2002; SIMON-ARECES *et al.*, 2012). Os outros dois membros, UCP4 e 5, são expressos em uma forma específica do tecido e estão envolvidos na redução do potencial de membrana mitocondrial (YU *et al.*, 2000).

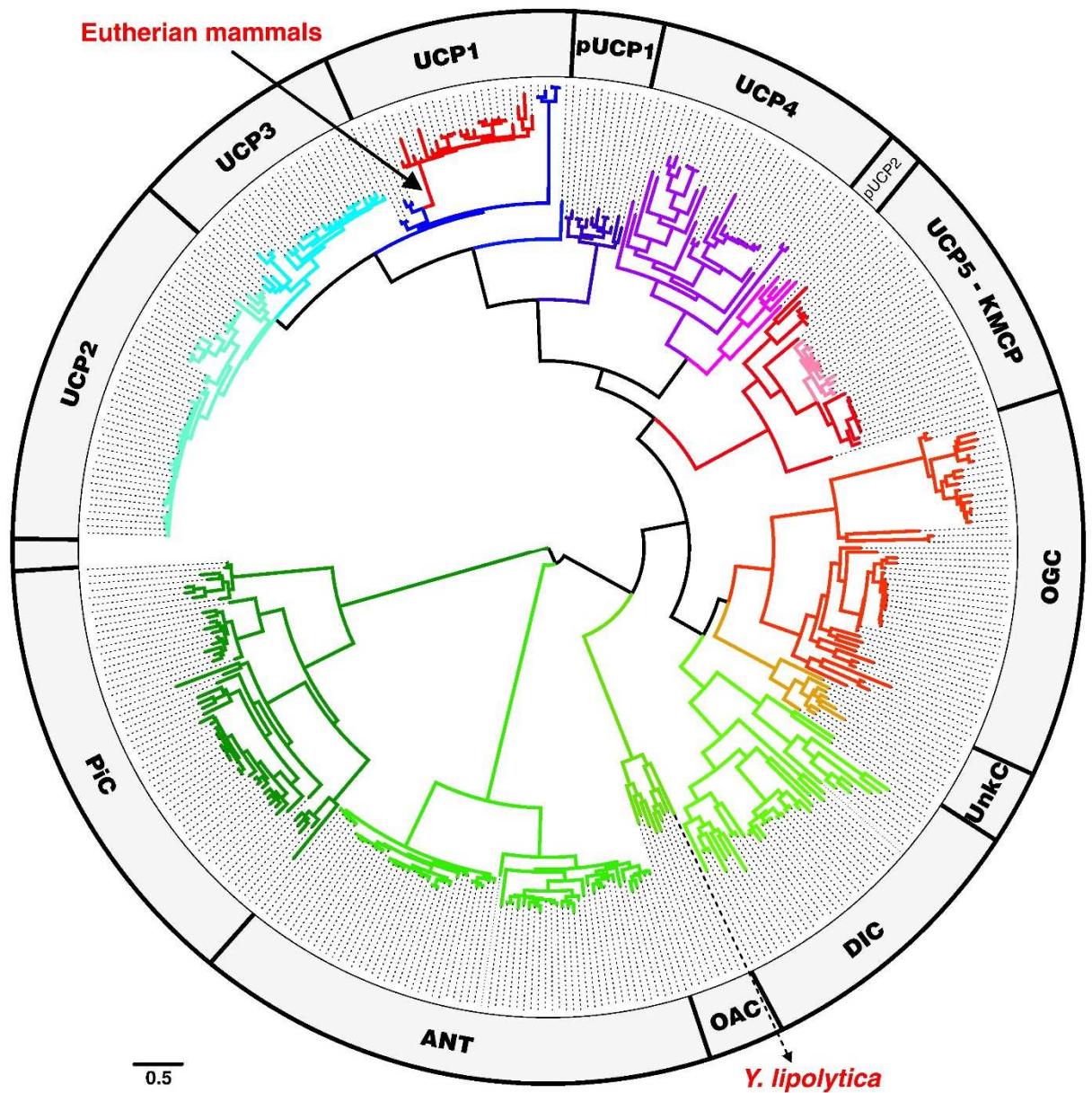
Quando comparadas em relação à identidade, a UCP2 e a UCP3 apresentam 59 e 57% de identidade com a UCP1, respectivamente, e 73% de identidade entre si (KRAUSS; ZHANG; LOWELL, 2005), já as UCP4 e UCP5 apresentam em torno de 30% de identidade com a UCP1 (HANÁK; JEŽEK, 2001).

As UCPs pertencem a um grupo de proteínas carreadoras integrais de membrana denominado Família dos Carreadores Mitocondriais – FCM (do inglês Mitochondrial Carrier Family – MCF), onde todas as proteínas possuem um peso molecular entre 28-34 kDa e são codificadas exclusivamente por genes nucleares, a qual transportam vários metabólitos aniônicos através da membrana mitocondrial interna, como ácidos graxos, ADP, ATP, fosfato, oxoglutarato, malato, aspartato, glutamato, citrato ou piruvato ou ainda substratos na forma zwitteriônica, como ornitina, carnitina ou glutamina (LALOI, 1999; BORECKÝ *et al.*, 2001a; PICAUT *et al.*, 2004; RIAL; ZARDOYA, 2009). Entretanto, esses carreadores não são exclusivos do compartimento mitocondrial, uma vez que membros da FCM já foram identificados em peroxissomos (PALMIERI *et al.*, 2001; VISSER *et al.*, 2002) e hidrogenossomos (ARCO; SASTRÚSTEGUI, 2005).

As UCPs são consideradas membros da superfamília gênica de carreadores de ânions por possuírem alta homologia de sequência com outros carreadores e transportarem formas aniônicas de ácidos graxos ou outros ânions (BORECKÝ *et al.*, 2001a). Tais transportadores foram distribuídos numa árvore filogenética, com destaque para as UCPs, além da presença de DICs e ANTs, dentre outros carreadores mitocondriais (RIAL *et al.*, 2010) (FIGURA 3).

Todos os representantes da FCM, consistem de uma estrutura monomérica funcional contendo de 295 a 320 resíduos de aminoácidos, correspondendo a seis  $\alpha$ -hélices (I-VI) transmembranares e cinco segmentos hidrofílicos, que podem ser divididos em três domínios de 100 aminoácidos homólogos, formando uma estrutura tripartida (FIGURA 4). As pequenas alças hidrofílicas (a e b) estão localizadas no lado do espaço intermembranar, enquanto os longos giros hidrofílicos estão localizados no lado da matriz (A, B e C) contendo o Sinal Protéico de Transferência de Energia Mitocondrial (SPTE): P-x-(DE)-x(LIVAT)-(RK)-x-(LRH)-(LIVMFY)-(QGAIVM) (BORECKY *et al.*, 2001a; LALOI, 1999; PICAUT *et al.*, 2004).

Figura 3 – Relação filogenética da família das UCPs e carreadores mitocondriais com alta homologia

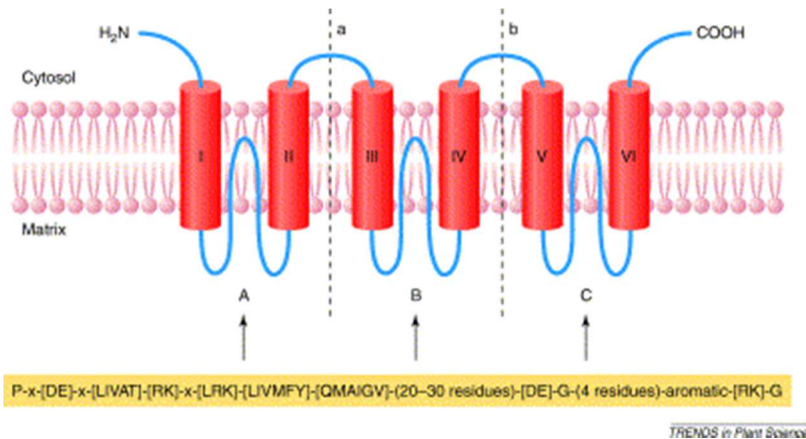


Fonte: Rial *et al.*, 2010

400 seqüências protéicas não redundantes de tamanho completo correspondentes aos carreadores de fosfato (PIC), nucleotídeos adenina (ANT), oxaloacetato (OAC), dicarboxilato (DIC), oxoglutarato (OGC), proteínas desacopladoras (UCP) e um conjunto de carreadores não definidos (UnkC) foram obtidos a partir do NCBI e alinhados com banco de dados públicos ENSEMBL. Outras abreviações: BMCP1: proteína carreadora mitocondrial cerebral 1 (também chamada de UCP5); KMCP: proteína carreadora mitocondrial cerebral do rim; pUCP: proteína desacopladora de planta. O ramo que conduz a UCP1 de eutérios e a posição do carreador OAC de *Y. lipolytica* estão indicados na figura.



Figura 4 – Características estruturais da família de carreadores mitocondriais

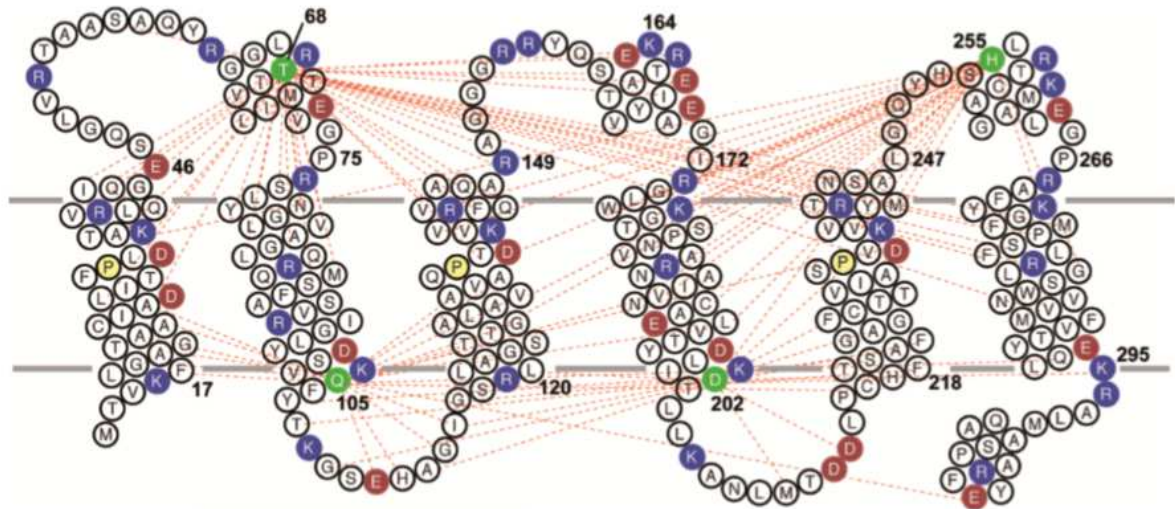


Fonte: Picaut *et al.*, 2004

Cada domínio consiste de duas  $\alpha$ -hélices transmembranares separados por um extensivo giro hidrofílico (A, B e C). Os três domínios estão ligados por pequenos segmentos hidrofílicos (a e b). Ambos C e N terminal estão localizados no lado citosólico da membrana mitocondrial interna, dentro do espaço intermembranar. A sequência motivo característica, presente em cada giro da matriz, está mostrada no quadro amarelo; x representa um aminoácido variável.

Berardi *et al.* (2011) através de trabalhos realizados com a UCP2 utilizando a técnica de ressonância magnética nuclear propuseram que a estrutura das UCPs (FIGURA 5) pode ser comparável com a da proteína carreadora de ADP/ATP (ANT) descrita por Pebay-Peyroula *et al.* (2003). Todas as UCP e ANT (FIGURA 6) compartilham uma estrutura tripartida comum que consiste em três domínios repetidos, ligados através de um “loop”, cada qual contendo dois subdomínios hidrofóbicas que formam  $\alpha$ -hélices transmembranares abrangendo a membrana interna mitocondrial, com a diferença que nas UCPs as orientações relativas dos segmentos helicoidais são diferentes, resultando em uma maior abertura do lado da matriz da membrana interna (BERARDI *et al.*, 2011; ECHTAY, 2007;). Uma análise do alinhamento das sequências dos domínios transmembranares das UCPs sugerem que as UCP1-3 e UCP4-5 pertencem a subfamílias diferentes (KELLER *et al.* 2005).

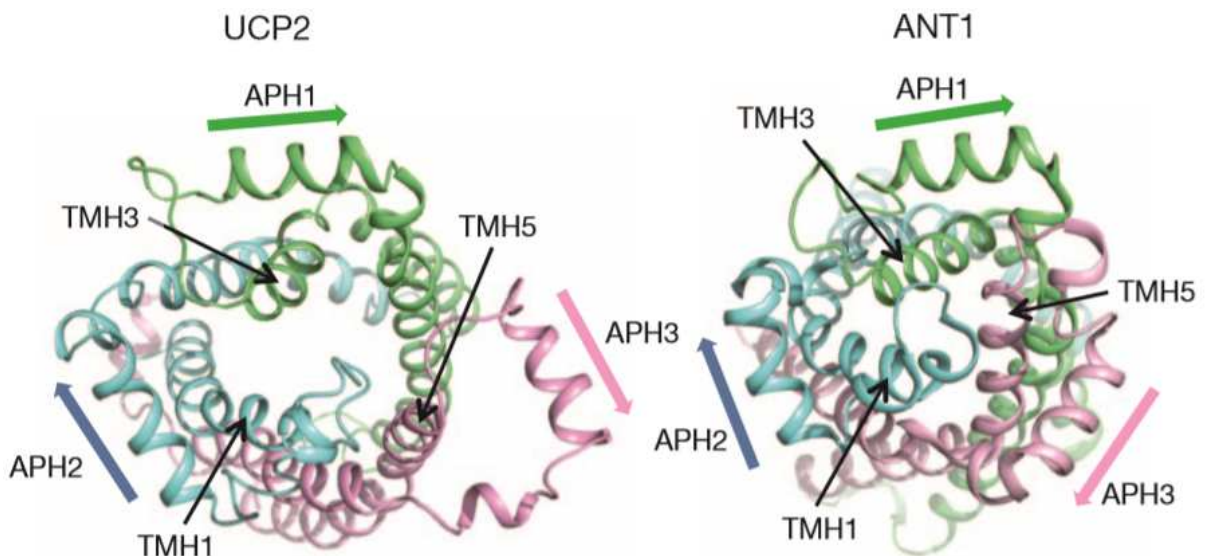
Figura 5 – Estrutura da UCP2



Fonte: BERARDI et al., 2011

Sequência da UCP2 e topologia membranar com resíduos básicos e ácidos mostrados em azul e vermelho, respectivamente. As prolinas conservadas nas torções de prolina do TMHs 1, 3 e 5 são mostradas em amarelo. As posições rotacionais marcadas estão destacadas em verde. As linhas tracejadas em vermelho representam a distância de longo alcance ou distância PRE interhelicoidais ( $< 19 \text{ \AA}$ ) entre as alças e o esqueleto estrutural de prótons de amida.

Figura 6 – Comparação da UCP2 e ANT1



Fonte: BERARDI et al., 2011

Visão da UCP2 e ANT1 do lado da matriz dos transportadores mostrando a perda tripla da pseudo simetria na UCP2 como um resultado de diferentes estruturas na repetição 3. As orientações das hélices anfipáticas estão indicadas pelas setas.

As UCPs catalisam o desacoplamento da cadeia transportadora de elétrons da fosforilação oxidativa (RICQUIER; KADER, 1976). Como consequência, o potencial de membrana é ligeiramente reduzido e a energia derivada da oxidação dos substratos é perdida na forma de calor. De maneira geral, as proteínas desacopladoras dissipam o gradiente eletroquímico de prótons gerados na respiração na forma de calor (NICHOLLS, 2001), sendo que duas características peculiares desta atividade são a dependência de ácidos graxos e a sensibilidade para inibição por nucleotídeos purínicos (GDP, GTP, ADP e ATP) (BRAND *et al.*, 2004; CANNON *et al.*, 2006; JEZEK *et al.*, 1996; SLUSE *et al.*, 2006; VERCESI *et al.*, 1995).

Tais características foram inicialmente identificadas em mitocôndrias de tecido adiposo marrom, associadas aos processos termogênicos (NICHOLLS; LOCKE, 1984), revelando maior ativação pelos ácidos graxos insaturados (BORECKÝ *et al.*, 2001b; BORECKÝ; VERCESI, 2005).

A inibição das UCPs/pUCPs por nucleotídeos de purina pode ser regulada pelo pH devido a ocorrência de grupos ionizados que vão interferir nos respectivos sítios de ligação (BORECKÝ; VERCESI, 2005; NAVET *et al.*, 2005; SAVIANI *et al.*, 1997; VERCESI *et al.*, 2006). No caso da interação com nucleotídeos livres o pH ótimo é 6,7 e existe um sítio de ligação específico denominado Sítio de Ligação a Nucleotídeos Purínicos, do inglês Putative Nucleotide Binding Site - PNBD, localizado no final da terceira alça da matriz.

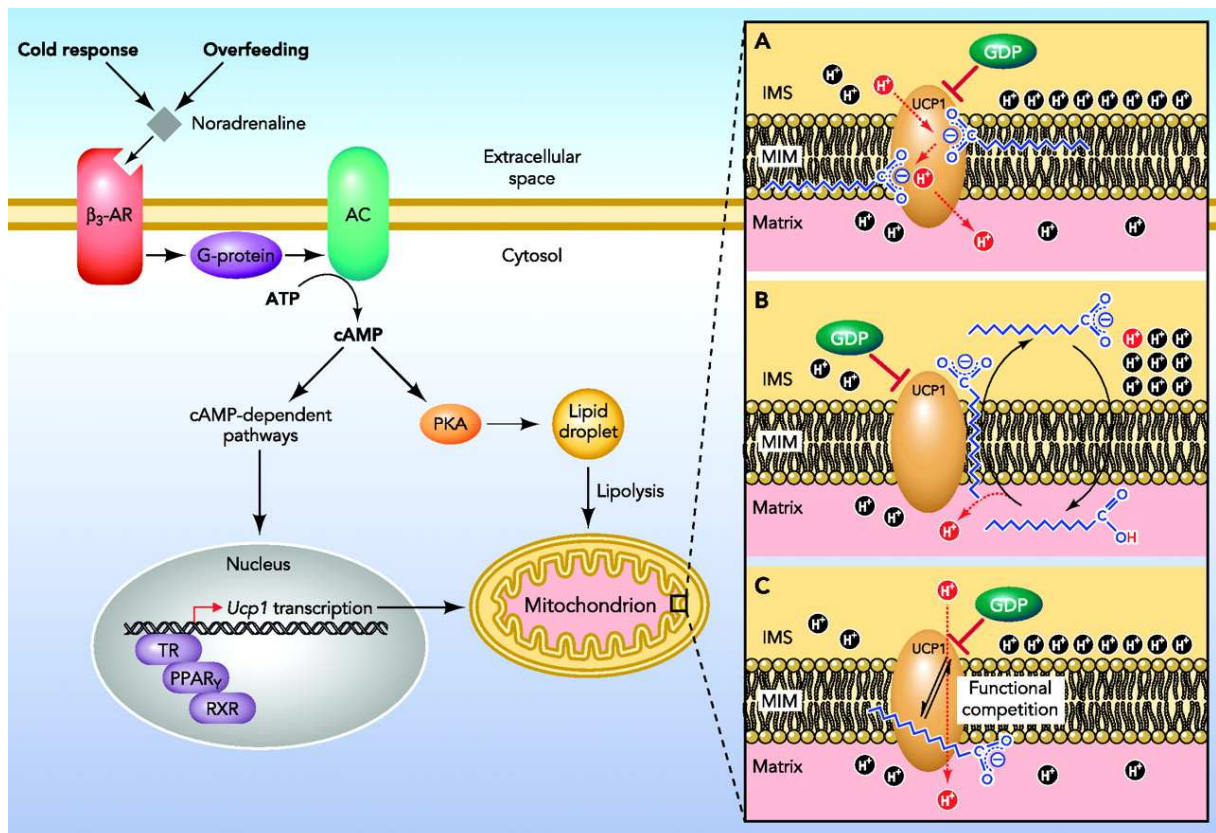
O mecanismo de regulação para o transporte de H<sup>+</sup> através das UCPs pelos ácidos graxos é um assunto controverso e três mecanismos foram propostos até então (DIVAKARUNI; BRAND, 2011):

a) modelo tamponante (FIGURA 7A), onde os ácidos graxos se ligam a sítios específicos (asparagina e glutamina) que estão junto ao canal de prótons da proteína, criando grupos carboxila aceptores/doadores de elétrons que facilitarão o transporte de H<sup>+</sup> (KLINGENBERG, 1990; WINKLER; KLINGENBERG, 1994).

b) modelo protonofóretico proposto por Garlid *et al.* (1996) (FIGURA 7B), o qual propõe que ácidos graxos protonados penetrem na monocamada interna através de um mecanismo denominado “flip-flop” e liberam um próton H<sup>+</sup> na matriz mitocondrial, posteriormente o ácido graxo livre desprotonado seria exportado para a monocamada externa através da proteína desacopladora mitocondrial que atuaria como uma carreadora de ânions (SKULACHEV, 1996).

c) modelo de interação alostérica (FIGURA 7C), o terceiro modelo defende que os ácidos graxos não são necessários para o transporte de prótons, mas induzem uma mudança alostérica para superar a inibição persistente dos nucleotídeos de uma UCP inerentemente ativa. Diante da não alteração da cinética de ligação dos nucleotídeos na presença de ácidos graxos, Divakaruni e Brand (2011) sugeriram que esta competição funcional não é alcançada através de uma simples ligação competitiva.

Figura 7 – Mecanismos de regulação para o transporte de próton através das UCPs mediados por ácidos graxos



Fonte: DIVAKARUNI; BRAND, 2011

Três modelos procuram explicar o mecanismo de condução de prótons catalizado pela UCP1. A: Modelo tamponante; B: Modelo protonofórico; C: Modelo de interação alostérica.

$\beta_3$ -AR, receptor  $\beta_3$ -adrenérgicos; AC, adenilato ciclase; PKA, proteína quinase A cíclica dependente de AMP; PPAR, receptores  $\gamma$  ativados por proliferador de peroxissoma; TR, receptor de hormônio da tireóide; RXR, receptor do ácido 9-cis retinóico; IMS, espaço intermembranar; MIM, membrana interna mitocondrial.

Quanto as funções de cada UCP, a UCP1 apresenta-se como uma importante reguladora da termogênese em mamíferos (RICHARD; PICARD, 2011), enquanto que as UCP2 e 3 estão relacionadas com a dissipação do gradiente de prótons, evitando o excesso de força próton-motriz, diminuindo assim as EROs produzidas pela cadeia transportadora de elétrons (GARLID

*et al.*, 2000). Quanto as UCP4 e 5, através da superexpressão destes genes em células neurais, foi possível identificar um importante papel neuroprotetor contra o dano oxidativo, além da identificação de suas expressões em tecidos não neurais, especialmente em células epiteliais mamárias de bovinos (YONEZAWA *et al.*, 2009). Embora ainda sejam pouco exploradas, as UCP4 e 5 se tornam interessantes como potenciais intervenientes no desencadeamento de doenças (RAMSDEN *et al.*, 2012).

Entre 1999 e 2004, vários homólogos da UCP1 foram identificados em mamíferos [UCP2 em vários tecidos (STUART *et al.*, 1999), UCP3 em tecido adiposo marrom e músculos esqueléticos, UCP4 e UCP5 em cérebro], pássaros (RAIMBAULD *et al.*, 2001), vertebrados ectodérmicos, como sapo (KLEIN *et al.*, 2002), no marsupial carnívoro *Sarcophilus harrisii* (KABAT *et al.*, 2004), peixes (STUART *et al.*, 1999), em insetos (FRIDELL *et al.*, 2004), no organismo eucariótico primitivo *Caenorhabditis elegans* (CeUCP, número de acesso AAB54239), ameba (JARMUSZKIEWICZ *et al.*, 1999), *Dictyostelium discoideum* (JARMUSZKIEWICZ *et al.*, 2002), fungos (JARMUSZKIEWICZ *et al.*, 2000), e em trofozoítos do parasita da malária *Plasmodium berghei* (UEMURA *et al.*, 2000). Tais evidências sugerem que as UCPs possam ser encontradas em todos os eucariotos.

#### **2.4 Proteína desacopladora mitocondrial em plantas**

Em 1995, Vercesi *et al.* descobriam uma enzima em mitocôndrias de tubérculo de batata com propriedades bioquímicas e fisiológicas semelhantes à *UCP1* encontrada em tecido adiposo marrom de animal e a nomearam PUMP (Plant Uncoupling Mitochondrial Protein). A nomenclatura PUMP para proteína desacopladora de planta vem sendo substituída por pUCP (Proteína desacopladora de planta) (BORECKÝ *et al.*, 2001a). A descoberta dessa enzima no Reino Plantae impulsionou a busca por novas UCPs homólogas em plantas, animais e demais eucariontes (BORECKÝ *et al.*, 2001a; CAVALHEIRO *et al.*, 2004; FLEURY *et al.*, 1997; JARMUSZKIEWICZ *et al.*, 1999, 2002;).

De 1997 até 1999, 4 UCPs adicionais de animais e uma segunda PUMP foram identificadas (*UCP2*, FLEURY *et al.*, 1997; *UCP3*, BOSS *et al.*, 1997; *UCP4*, MAO *et al.*, 1999; BMCP1/UCP5, SANCHIS *et al.*, 1998; *AtUCP2* em planta, WATANABE *et al.*, 1999). Além do achado de Hanač e Jezek, (2001) de uma sequência codificadora encontrada no genoma de *Arabidopsis* para outra possível PUMP (*AtUCP4*). Uma revisão dos membros das UCPs foi realizada por Ledesma *et al.* (2002).

Borecký *et al.*, (2006) fizeram uma provável caracterização de toda a família dos genes codificadores da UCP em uma monocotiledônea (cana de açúcar) e uma dicotiledônea (*Arabidopsis*). Em *Arabidopsis*, além da identificação já descrita da *AtPUMP1* (Maia *et al.*, 1998), *AtPUMP2* (Watanabe *et al.*, 1999), e do possível gene de pUCP (*AtPUMP4*) divulgado por Hanařek e Jezěek (2001) e classificado por Borecký como *AtPUMP3*, três novos membros foram descritos, *AtPUMP4*, *AtPUMP5* e *AtPUMP6*. Em cana de açúcar foram identificados 5 genes codificantes da UCP, os quais foram nomeados como *SsPUMP1*, *SsPUMP2*, *SsPUMP3*, *SsPUMP4*, e *SsPUMP5*.

Ainda no mesmo trabalho de Borecký *et al.*, (2006) foi realizada uma análise das sequências de várias UCPs de animais e vegetais, assim como a inclusão de DIC e M2OM a fim de identificar os motivos específicos da UCP através do programa MEME-MAST (BAILEY; ELKAN, 1994; BAILEY; GRIBSKOV, 1998).

De acordo com esse programa, oito motivos preditos foram associados com alguns grupos completos e específicos de UCPs/pUCPs (FIGURA 8). Assim, os motivos 1 e 2 são longos (50 e 30 aminoácidos, respectivamente) e ocorrem em todas as UCPs. Estes motivos formam um conjunto em “*tandem*” dentro de cada domínio do polipeptídeo e os três conjuntos correspondem aproximadamente a 80% da pUCP. Sugere-se que estes motivos em conjunto em “*tandem*” foram conservados ao longo da evolução para manter a conformação das UCPs. Os motivos 5 e 6 são específicos para pUCPs e estão localizados dentro de duas alças externas, isto é, voltadas para o espaço intermembranar. Além disso, uma inserção específica de uma região rica no aminoácido alanina foi encontrada perto do primeiro ETPS em pUCPs de cana-de-açúcar, milho, trigo e arroz, aparentando estar ausente em dicotiledôneas (BORECKY *et al.*, 2001a; VERCESI *et al.*, 2006).

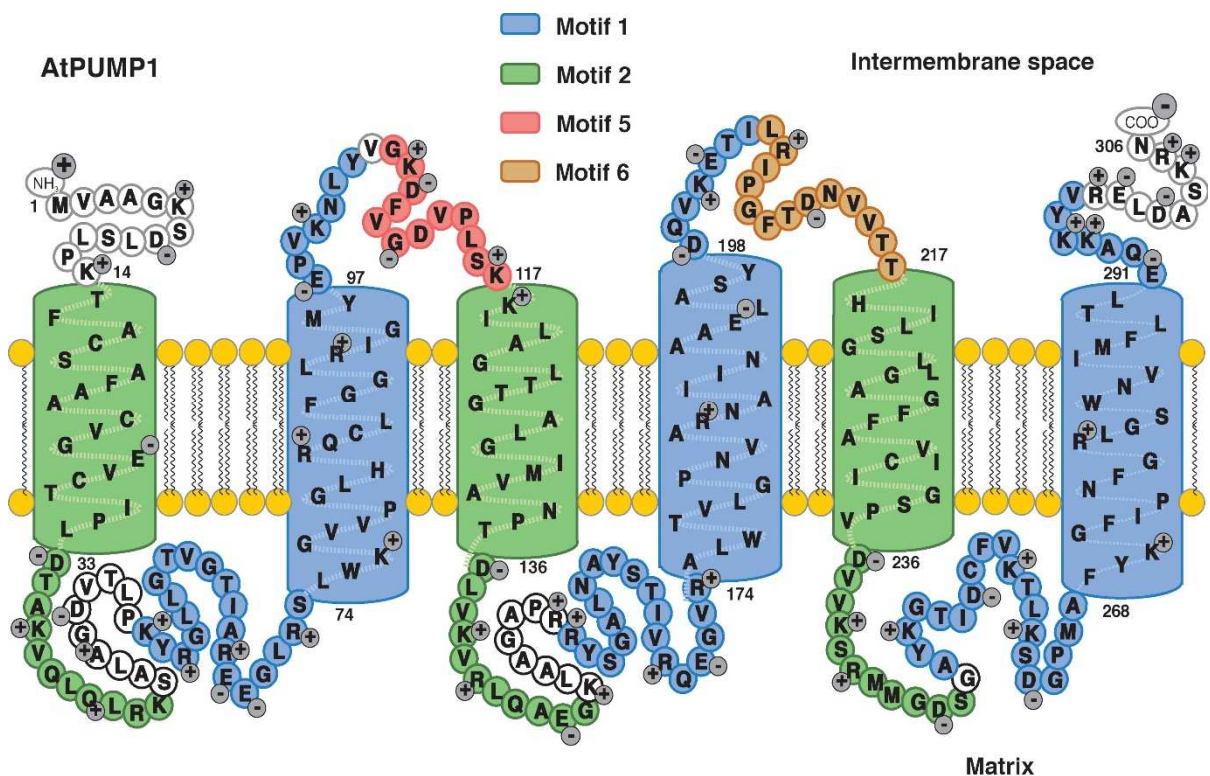
Curiosamente, a proteína desacopladora do repolho do tipo skunk (*SfUCPb*) revela ausência do quinto motivo transmembranar, sugerindo regulação fisiológica diferente de desacoplamento desta isoforma (ITO, 1999; ZHU *et al.*, 2011).

Todas as proteínas desacopladoras analisadas apresentaram três cópias das assinaturas ETPS, enquanto outros membros da família dos carreadores mitocondriais apresentaram apenas uma ou duas cópias desta assinatura (M2OM apresentaram a ausência da segunda assinatura). Estas assinaturas ETPS exibiram variações específicas para todas as pUCPs analisadas (BORECKY *et al.* 2001a; VERCESI *et al.*, 2006).

Todas as pUCPs também foram analisadas quanto a presença das quatro assinaturas específicas para UCP proposta por Jezek e Urbánková (2000). Todas as pUCPs apresentaram

as quatro assinaturas completas localizados na primeira, segunda, quarta e sexta  $\alpha$ -hélice (BORECKY *et al.* 2006). Vale ressaltar, que a sexta  $\alpha$ -hélice é parcialmente específica para as UCPs, já que contém resíduos de aminoácidos pertencentes ao domínio de ligação para nucleotídeos purínicos (PNBD), este, presente em outros membros da família de carreadores mitocondriais Bouillaud *et al.* (1994).

Figura 8 – Esquema representativo da proteína AtPUMP1 contendo os motivos conservados



Fonte: Vercesi *et al.*, 2006, pg. 387

Os motivos 1 e 2 são comuns a todos os membros dessa subfamília e envolvem o primeiro domínio transmembranar da proteína (motivo 2) ou o segundo domínio (motivo 1) de cada repetição na proteína. Os motivos 5 e 6 são específicos para pUCPs e ambos estão expostos no espaço intermembranar.

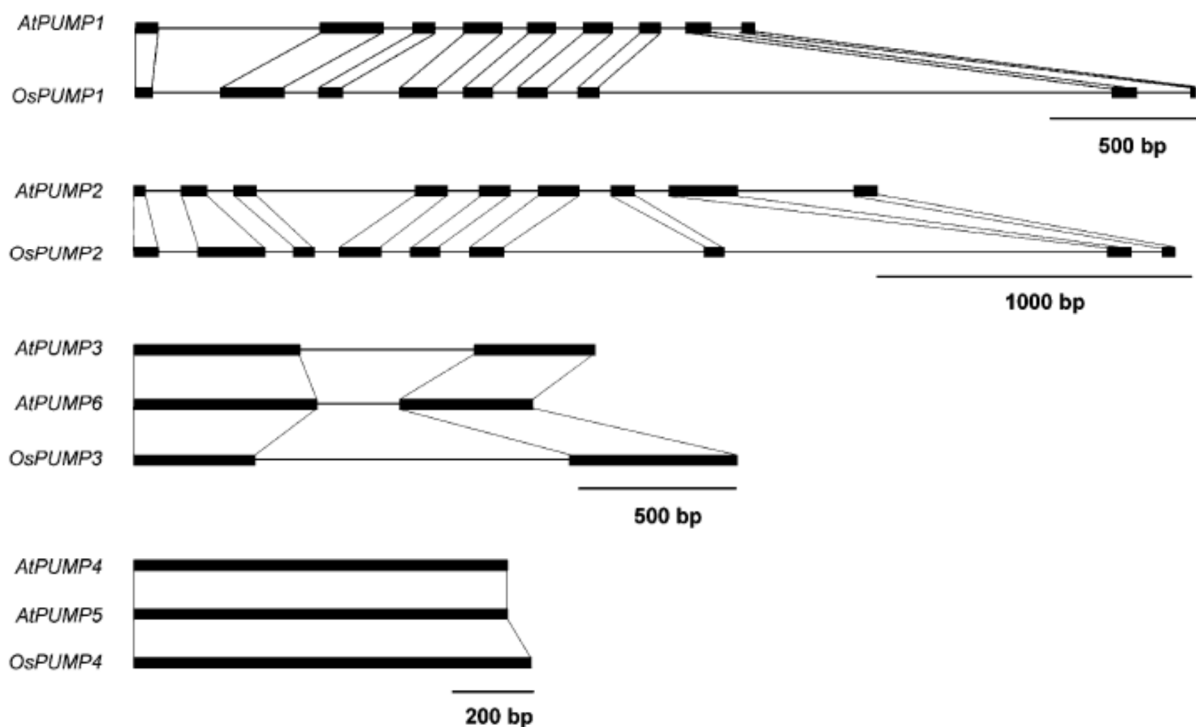
Além disso, a predição de um motivo adicional pelo programa MEME-MAST revelou um motivo específico para os M2OM/DIC localizado na extremidade C-terminal da molécula. Este motivo não foi detectado em nenhuma UCP analisada (BORECKY *et al.* 2006).

A localização dos genes AtUCP1-6 estão distribuídas em diferentes cromossomos (3, 5, 1, 4, 2 e 5, respectivamente) e apresentam diferentes estruturas genômica. *AtUCP1* e 2 apresentam estruturas gênicas quase idênticas, consistindo de 9 éxons e 8 intróns, porém os

genes *AtUCP3* e *AtUCP6* possuem somente dois éxons, enquanto que *AtUCP4* e *AtUCP5*, não possuem íntrons (NOGUEIRA *et al.*, 2005) (FIGURA 9).

Os ortólogos pUCPs de arroz (*OsUCP1*, *OsUCP2*, *OsUCP3* e *OsUCP4*) localizados também em diferentes cromossomos (1, 11, 4 e 2, respectivamente) mostraram uma estrutura gênica similar para seus correspondentes em *Arabidopsis*, com os genes *OsUCP1* e *OsUCP2* apresentando 9 éxons, *OsUCP3* apresentando 2 éxons, enquanto o gene *OsUCP4* apresentou um único éxon (NOGUEIRA *et al.*, 2005) (FIGURA 9).

Figura 9 – Estrutura gênica das pUCPs de arroz e *Arabidopsis*.



Fonte: NOGUEIRA *et al.*, 2005

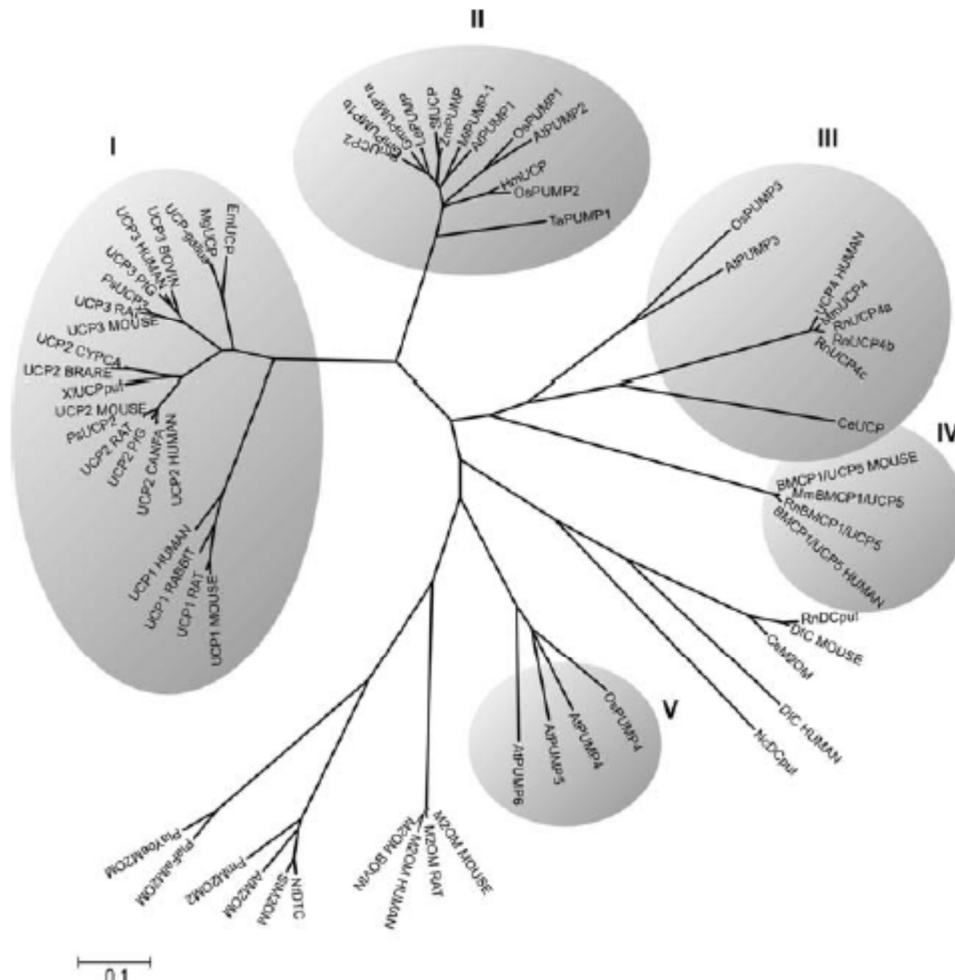
Os retângulos preenchidos representam os éxons e as linhas entre esses retângulos representam os íntrons. As barras indicam bp (pares de bases) do DNA cromossômico.

As relações filogenéticas de seqüências de aminoácidos de UCPs provenientes de mamíferos, plantas e outros organismos, assim como a inclusão de seqüências dos carreadores mitocondriais malato-/2-oxoglutarato (M2OM) e a do dicarboxilato (DIC) de vários organismos, revelaram a presença de 5 subfamílias bem definidas de UCPs (FIGURA 10). As pUCPs estão distribuídas em três subfamílias: a subfamília II contendo pUCPs dos tipos 1 e 2; a subfamília V agrupando pUCPs dos tipos 4, 5 e 6 e a subfamília III, que inclui pUCPs dos



tipos 3 de mono e dicotiledôneas, a UCP4 de mamíferos e a UCP de um eucarioto primitivo *Caenorhabditis elegans* (*CeUCP*) (NOGUEIRA *et al.*, 2005).

Figura 10 – Árvore filogenética não enraizada para UCPs/PUMPs e outras seqüências de proteínas carreadoras mitocondriais

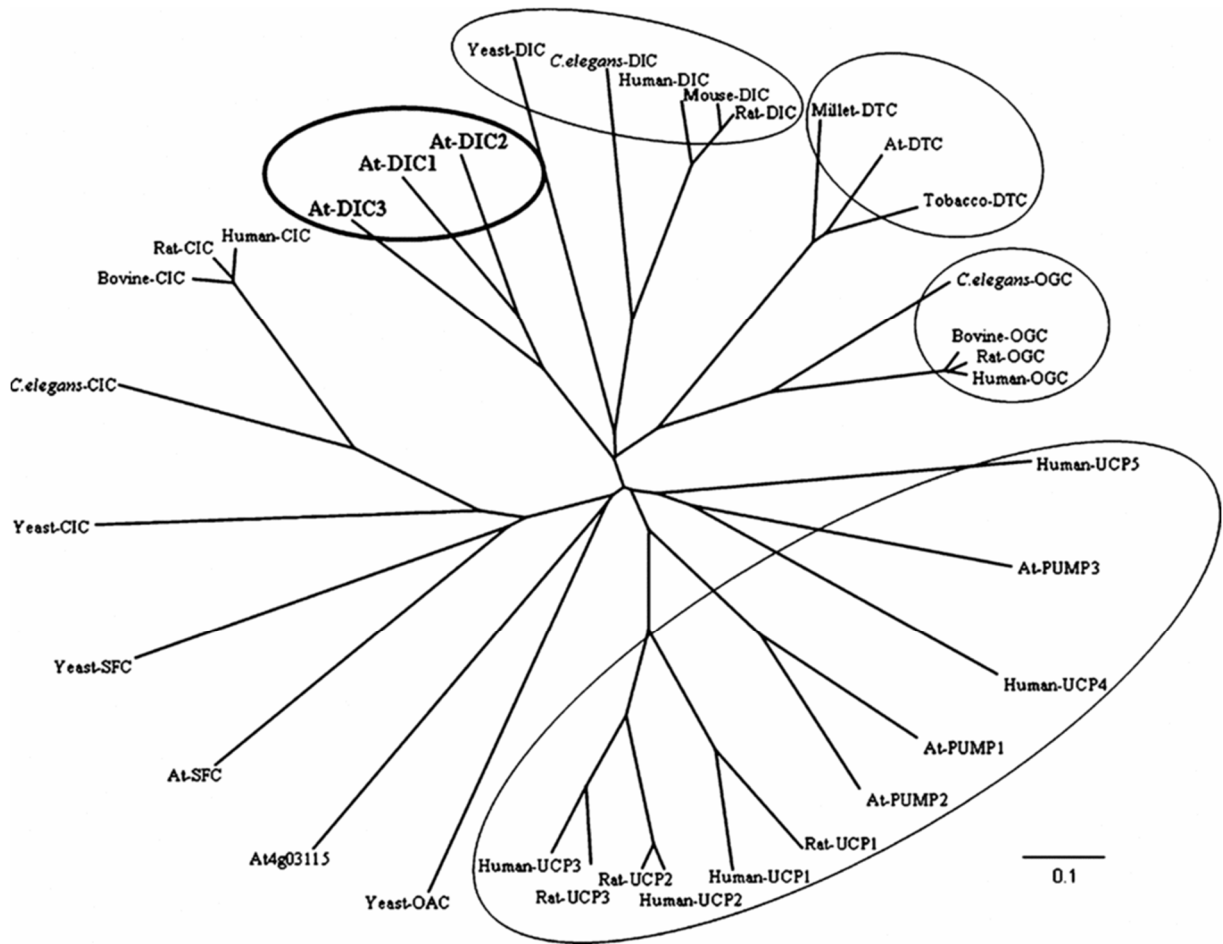


Fonte: NOGUEIRA *et al.*, 2005

Árvore filogenética não enraizada para UCPs/PUMPs e outras seqüências de proteínas carreadoras mitocondriais obtida pelo programa MEGA2. As seqüências foram alinhadas utilizando o programa CLUSTALX e a topologia da árvore e distância evolucionária foram estimadas usando o método neighbor-joining (1000 bootstraps).

Palmieri *et al.* (2008) identificaram em *Arabidopsis* que as *AtUCP4-6* identificadas por Borecký *et al.* (2006) na verdade sejam isoformas de DICS, nomeadas *DIC1*, *DIC2* e *DIC3*. De acordo com a árvore filogenética de seqüências de aminoácidos de transportadores mitocondriais de vários organismos, os referidos autores mostraram que os *DICs* (*DIC1*, *DIC2* e *DIC3*), apresentavam maior similaridade com os transportadores de dicarboxilato encontrados em animais e leveduras do que com as pUCPs (FIGURA 11).

Figura 11 – Árvore filogenética de seqüências de aminoácidos de transportadores mitocondriais de vários organismos



Fonte: Palmieri *et al.* (2008)

Dendograma não enraizado proveniente de um alinhamento realizado pelo software ClustalX (1.75) utilizando os parâmetros padrões e visualizado através do programa Phylodendron TreePrint (<http://www.es.embnnet.org/Doc/phyloendron/treeprint-form.html>). Os comprimentos dos ramos são desenhados proporcionalmente à quantidade de mudanças na seqüência. A barra indica o número de substituições por resíduo, sendo 0.1 correspondente a uma distância de 10 substituições a cada 100 resíduos.

Devido a presença generalizada da UCP em eucariotos, diversas funções foram propostas para a pUCPs (NOGUEIRA; SASSAKI; MAIA, 2011) como a regulação do potencial de membrana da mitocôndria (JEZEK *et al.*, 1996) regulação do metabolismo energético na mitocôndria (RICQUIER; BOUILLAUD, 2000), redução das EROs (CONSIDINE *et al.*, 2003; POPOV *et al.*, 2011) e manutenção da homeostase redox (VERCESI *et al.*, 2006), além de influenciar no fluxo do ciclo do ácido tricarboxílico (SMITH., 2004).

Em plantas, a ativação ou superexpressão da UCP parece aliviar a produção de EROs e aumentar a tolerância ao estresse oxidativo (BRANDALISE *et al.* 2003; KOWALTOWSKI *et al.* 1998). O fato da atividade da UCP na mitocôndria ser estimulada por superóxidos e/ou produtos da peroxidação lipídica (CONSIDINE *et al.*, 2003; SMITH *et al.*, 2004) é consistente com a função de proteção contra o estresse oxidativo e indica que a UCP media o controle da formação de EROs através de um mecanismo de feedback negativo (PASTORE *et al.*, 2007).

De fato, EROs são um dos principais componentes produzidos pelo estresse biótico e abiótico, além da mitocôndria ser a principal fonte intracelular para a produção de EROs (MOLLER, 2001). O que suporta o fato de UCPS e AOXs protegerem a célula contra a alta produção de EROs durante estresses bióticos e abióticos (BRANDALISE *et al.* 2003; MAXWELL; WANG; McINTOSH, 1999; VAN AKEN *et al.* 2009). Por outro lado, a expressão constitutiva de pUCPs podem regular o fluxo energético da mitocôndria e alguns estágios de desenvolvimento de tecidos e órgãos da planta (VERCESI *et al.*, 2006).

Contrastando as funções fisiológicas relativamente bem conhecidas das UCPS em resposta aos estresses, pouco se sabe sobre seu possível papel durante o desenvolvimento da planta. Além disso, a modulação da expressão dos genes durante o estresse e/ou em resposta a estresse ambientais ou bióticos é pouco conhecida (NOGUEIRA *et al.*, 2011).

### 3 OBJETIVOS

#### 3.1 Objetivo geral

Caracterizar, analisar filogeneticamente e avaliar o perfil de expressão da família multigênica da proteína desacopladora mitocondrial (UCP) em diferentes tecidos durante o desenvolvimento da soja (*Glycine max*) e em condições de estresse.

#### 3.2 Objetivos específicos

- Caracterizar a família multigênica da UCP de soja (*Glycine max*), bem como de outras leguminosas (*Cajanus cajan*, *Phaseolus vulgaris*, *Medicago truncatula*, *Cicer arietinum*, *Lupinus angustifolius*, *Vigna angularis*, *Vigna radiata*, *Arachis duranensis* e *Arachis ipaensis*) através de buscas em bancos de dados e anotação gênica;
- Analisar filogeneticamente a família multigênica da UCP de soja (*Glycine max*), bem como de outras leguminosas (*Cajanus cajan*, *Phaseolus vulgaris*, *Medicago truncatula*, *Cicer arietinum*, *Lupinus angustifolius*, *Vigna angularis*, *Vigna radiata*, *Arachis duranensis* e *Arachis ipaensis*) utilizando *Arabidopsis thaliana* como grupo externo;
- Desenhar os iniciadores específicos referentes aos genes da família multigênica da UCP em soja (*Glycine max*).
- Avaliar a expressão gênica da família multigênica da UCP em diferentes tecidos durante o desenvolvimento da soja (*Glycine max*).
- Avaliar a expressão gênica da família multigênica da UCP em diferentes tecidos da soja (*Glycine max*) sob condições de estresse (Polietileno glicol - PEG, Ácido salicílico - AS).

## 4 MATERIAIS E MÉTODOS

### 4.1 Material vegetal

As sementes de soja (*Glycine max*) cultivar (BRS Pala – Safra de 2009), utilizadas para obtenção do material vegetal usado nos estudos de expressão gênica, foram doadas pela Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária (EMBRAPA Trigo, Passo Fundo, Rio Grande do Sul) e encaminhadas ao Laboratório de Bioenergética da Universidade Federal do Ceará (UFC) onde foram transferidas para frascos hermeticamente fechados e armazenadas em geladeira a 10<sup>0</sup>C.

### 4.2 Condições de crescimento

As sementes de soja (*Glycine max*), livres de danos mecânicos aparentes foram selecionadas e esterilizadas em solução de Hipoclorito de Sódio (NaClO) 1% durante cinco minutos, visando eliminar possíveis patógenos presentes em seu tegumento. Posteriormente as sementes foram deixadas em água destilada durante 2 horas. Transcorrido esse tempo as sementes foram lavadas em água corrente e em água destilada (ddH<sub>2</sub>O).

As sementes esterilizadas foram germinadas em papel de filtro embebido com solução nutritiva de Hoagland (KNO<sub>3</sub> 1M, MgSO<sub>4</sub> 1M, Ca (NO<sub>3</sub>)<sub>2</sub> 1M, NH<sub>4</sub>H<sub>2</sub>PO<sub>4</sub> 1M e 0.5 % Fe-EDTA) contendo micronutrientes (H<sub>3</sub>BO<sub>3</sub> 2,86 g L<sup>-1</sup>, MnCl<sub>2</sub> 1,86 g L<sup>-1</sup>, ZnSO<sub>4</sub> 0,22 g L<sup>-1</sup>, CuSO<sub>4</sub>.5H<sub>2</sub>O 0,08 g L<sup>-1</sup> e Na<sub>2</sub>MoO<sub>4</sub> 0,20 g L<sup>-1</sup>) e concentrada a 25%. Esse procedimento de germinação em solução de Hoagland foi adotado para evitar sintomas de deficiência nutricional que foram observadas quando as sementes eram germinadas apenas em água destilada. Seis dias após a semeadura, as mudas foram transferidas para hidroponia contendo a solução nutritiva de Hoagland e Arnon (1950) concentrada a 100%.

As coletas dos órgãos/tecidos para extração de RNA total durante os estágios de desenvolvimento da soja foram feitas com 10, 22, 45 dias após a semeadura (DAS) - início da floração, 54 dias (nove dias após a floração - DAF) e 63 dias (dezoito DAF). Foram coletadas raízes, folhas unifolioladas e trifolioladas, cotilédones, hipocótilos, epicótilos, flores e vagens. Também foram coletadas sementes no início da germinação (semente seca e a semente

embebida 24 horas na solução de Hoagland). Em todos os tecidos foram coletadas amostras de três plantas diferentes (Tabela 3).

Tabela 3 - Órgãos coletados e idade das plantas usadas para os ensaios durante o desenvolvimento

Órgão extraído	Idade da planta					
	0 h	24 h	10 DAS	22 DAS	45 DAS	9 e 18 DAF
Sementes secas	■					
Sementes embebidas		■				
Folhas unifolioladas			■	■		
Cotilédones			■	■		
Raízes					■	
Folhas trifolioladas			■	■		
Epicótilos			■	■		
Hipocótilos			■	■		
Flores					■	
Vagens						■

DAS – dias após sementeira; DAF – dias após a floração

Após as coletas dos órgãos, as amostras foram congeladas imediatamente em nitrogênio líquido e armazenadas em freezer -80 °C até o momento da extração de RNA total.

#### 4.2.1 Condições de crescimento em estresse e desenho experimental

Para os ensaios em condições de estresse, plantas de soja (BRS PALA) com treze dias após a sementeira (DAS) foram submetidas a estresse osmótico, promovido pelo polietileno glicol (PEG - 100 g/L) aplicado diretamente na solução hidropônica, e estresse através da aplicação exógena de ácido salicílico nas folhas (AS - 0,5 mM). Folhas e raízes foram coletadas nos tempos 0, 6, 12 e 24 h de submissão aos estresses, as amostras foram congeladas imediatamente em nitrogênio líquido e armazenadas em freezer -80 °C para posterior extração de RNA total. Cada grupo (controle e estresse) continha três plantas em cada tempo analisado.

### 4.3 Análises *in silico*

#### 4.3.1 Identificação *in silico* dos genes da proteína desacopladora mitocondrial em *Glycine max* e outras leguminosas.

As sequências da família multigênica da UCP em *Cajanus cajan*, *Glycine max*, *Glycine soja*, *Phaseolus vulgaris*, *Vigna angularis*, *Vigna radiata*, *Medicago truncatula*, *Cicer arietinum*, *Lupinus angustifolius*, *Arachis duranensis* e *Arachis ipaensis* foram identificadas pela ferramenta BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) (Altschul et al., 1997) utilizando sequências de UCP de *Arabidopsis thaliana* [número de acesso: UCP1(NM\_115271), UCP2 (NM\_125287), UCP3 (AEE29110), UCP4 (AAK68799), UCP5 (NM\_127816) e UCP6 (AED91400)] como referência contra o banco de dados WGS (whole-genome shotgun) do GenBank (NCBI).

As sequências genômicas identificadas foram manualmente anotadas através da comparação destas contra os bancos de dados de sequências expressas REFSEQ\_RNA (reference mRNA sequences), EST (expressed sequence tags) e TSA (transcriptome shotgun assembly) para determinar a estrutura dos éxons e íntrons de cada gene, bem como a obtenção do cDNA deduzido através da simulação do splicing (retirada dos íntrons e junção dos éxons). O cDNA deduzido foi então traduzido para a sequência de aminoácidos através da ferramenta de tradução do servidor da web Expasy (<http://www.expasy.org/>) e as proteínas deduzidas foram então checadas contra as sequências de proteínas de UCPs disponíveis no GenBank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) utilizando a ferramenta BLASTp.

#### **4.3.2 Alinhamento das sequências e análise filogenética**

Após a anotação dos genes das espécies citadas anteriormente procedeu-se a análise filogenética a partir das sequências de proteínas obtidas. Estas sequências, juntamente com as sequências de proteínas citadas anteriormente de *Arabidopsis thaliana* da ordem Brassicales (usada como grupo externo) foram alinhadas através do programa CLUSTAL W e a relação evolucionária determinada pelo programa MEGA 5.2 empregando o método neighbor-joining (SAITOU e NEI, 1987) com valores de bootstrap (1.000 replicatas) (TAMURA *et al.*, 2011).

#### **4.3.3 Desenho dos oligonucleotídeos iniciadores**

As sequências de cDNAs deduzidos obtidas para as UCPs em soja foram alinhadas através da ferramenta de alinhamento múltiplo no programa ClustalW2 (<http://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalw2/>) para verificar os nucleotídeos não conservados

entre a família multigênica da UCP a fim de auxiliar na verificação da especificidade durante o processo de confecção dos oligonucleotídeos iniciadores (*primers*).

Os oligonucleotídeos iniciadores específicos usados para as reações de PCR quantitativa foram desenhados com o auxílio do programa Perl primer V1.1.20 (MARSHALL, 2011) levando em consideração os seguintes parâmetros: temperatura de melting ( $T_m$ ) de 57-65 °C com diferença de 2 °C entre o *primer* senso (*forward*) e o antisenso (*reverse*), comprimento do *primer* de 19-23, tamanho do produto (*amplicon*) de 100-200 pares de base, percentual do conteúdo de GC entre 40-60%, não produção de ligações secundárias heterodímeras 3' extensíveis e produção de ligações secundárias não extensíveis com valores de delta G > -3,0 kcal/mol.

Os *primers* obtidos foram então checados no alinhamento múltiplo entre as UCPs para checar sua especificidade, sendo então realizadas modificações manuais quando necessário. Após a especificação dos *primers*, estes eram verificados quanto à formação de estruturas secundárias [grampos (*hairpins*), homodímeros (self-dimers) e heterodímeros (hetero-dimers)] na ferramenta IDT OligoAnalyzer (<http://www.idtdna.com/calc/analyzer>). Para serem aprovados os *primers* deveriam ter valor de  $T_m$  menor que 35 °C para a produção de grampos e valores de delta G máximo maior que -5,0 kcal/mol.

Outras características a seguir foram seguidas para o desenho dos *primers* tais como: nucleotídeo da extremidade 3' do *primer* ser específico para o gene de interesse a fim de se garantir a sua especificidade, duas entre as três últimas bases serem um G ou C para garantir o anelamento da extremidade 3' e posição dos *primers forward* e *reverse* em éxons diferentes com no mínimo um íntron entre eles para possível identificação de contaminação com DNA genômico ou posição de um dos *primers* na junção éxon-éxon para evitar a ligação dos *primers* com DNA genômico.

As sequências para os pares de *primers* dos genes de referência EF1 $\beta$ , SKIP16, MTP e UKN1 para verificação da expressão relativa foram obtidos de Hu *et al.* (2009), enquanto que para os genes EF1 $\alpha$  foram obtidos de Saraiva *et al.* (2014).

#### **4.4 Análise da expressão gênica pela Reação em Cadeia da DNA Polimerase quantitativa em tempo real (RT- qPCR)**



#### 4.4.1 Extração de RNA total

Para a extração de RNA total dos órgãos coletados, 200 mg do material vegetal foi macerado em nitrogênio líquido, utilizando-se almofariz e pistilo. Do produto macerado obtido foi realizada a extração de RNA total através do *RNeasy plant mini Kit* (Qiagen) de acordo com as instruções do fabricante.

Às amostras maceradas foram adicionados 700 µL do tampão RLT e 10 µL de β – mercaptoetanol, homogeneizadas usando-se o vórtex, e a solução obtida foi transferida através de pipetagem para uma mini coluna do kit (*QIAshedder spin column* - lilás, acoplada a um tubo coletor de 2 mL) e centrifugada a 25 °C por 2 minutos a 14.000 RPM. O sobrenadante foi recuperado e transferido para um novo tubo *eppendorf*, onde foram adicionadas 0,5 vezes do volume inicial de etanol 95% e a solução obtida foi misturada por inversão.

A solução obtida anteriormente (em torno de 700 µL) foi transferida para uma nova coluna do kit (*RNeasy mini spin column* – rósea, acoplada a um tubo coletor de 2 ml) e centrifugada a temperatura ambiente (25 °C) por 15 segundos a 10.000 RPM. O eluído foi descartado sendo adicionado na coluna rósea 350 µL de tampão RW1, centrifugando-se a temperatura ambiente por 15 segundos a 10.000 RPM. Foram aplicados 80 µL de desoxirribonucleases (DNase) na coluna, sendo esta deixada a temperatura ambiente durante 15 minutos. Transcorrido este tempo, adicionou-se novamente 350 µL de RW1 e foi feita uma nova centrifugação à temperatura ambiente por 15 segundos a 10.000 RPM. Após a última lavagem com RW1 a coluna foi transferida para um novo tubo coletor e adicionados 500 µL de RPE na coluna, sendo esta submetida a uma centrifugação a temperatura ambiente por 15 segundos a 10.000 RPM. O eluído foi descartado e adicionados mais 500 µL de RPE na coluna, submetendo-a a uma nova centrifugação a temperatura ambiente por 2 minutos a 10 mil RPM, a fim de eliminar qualquer resíduo de etanol que possa interferir em reações posteriores.

O eluído e o tubo coletor foram descartados e a coluna foi transferida para um novo tubo coletor de 1,5 mL. Em sequência foram adicionados 40 µL de água livre de RNases diretamente na coluna, submetendo a nova centrifugação por 1 minuto a 10.000 RPM para eluição do RNA. O RNA eluído foi armazenado a -20 °C para posterior quantificação, análises eletroforéticas, reações de transcrição reversa (RT) e ensaios de RT- qPCR.

#### **4.4.2 Quantificação e pureza do RNA total**

Após extração do RNA total a concentração e pureza das amostras foram determinadas através do espectrofotômetro Nanodrop 2000 (Thermo Scientific) em comprimentos de onda de 260nm. Para estimar a pureza do RNA extraído a razão de 260/280 nm de absorbância foi utilizada para identificar contaminações por proteínas (razão deve estar entre 1,8 a 2) e a razão de 260/230 nm de absorbância utilizada para contaminações por polissacarídeos (razão deve estar acima de 2).

#### **4.4.3 Integridade do RNA total e eletroforese do gel de RNA**

A integridade do RNA total e contaminação com DNA genômico foram verificadas usando-se 0,5 µg de RNA total em uma eletroforese em gel de agarose a 1,5% em um volume total de 30 ml seguindo a proporção de 1g de agarose/100ml.

Para isto, 0,30 g de agarose foram diluídas em 30 ml de MOPs 1x [ 41,86g de MOPS - (3-(Nmorpholino)-propanesulfonic acid), 50 mM de acetato de sódio, EDTA 0,5M, 1 litro de H<sub>2</sub>O mili-q, 1ml de água tratada com DEPC) e aquecidas no microondas a fim de uma total solubilização da agarose. A agarose solubilizada (ainda em estado líquido) foi colocada em uma bandeja apropriada para inserção de pentes, o que possibilitou a formação de canaletas (poços). Após solidificação, o gel de agarose foi colocado em uma cuba eletroforética que foi preenchida com tampão MOPs 1x.

Em cada poço foi aplicado um volume total de 5 µL contendo 1,5 µL do tampão da amostra (Azul de bromofenol) e 3,5 µL referentes a amostra mais água DEPC (água livre de RNases). A cuba de eletroforese foi ligada a uma fonte que polarizou a cuba com amperagem constante de 35 mA e a corrida eletroforética durou aproximadamente 30 minutos à temperatura ambiente (25 °C). Devido ao RNA possuir carga elétrica negativa em pH neutro, esta molécula migra entre os poros do gel em direção ao polo positivo da cuba, o que permite a formação de bandas separadas de acordo com o tamanho molecular do fragmento de RNA.

Após a corrida eletrofóretica o gel foi corado com brometo de etídeo (0,5 µg/mL) durante 10 minutos, atuando este como um agente intercalante de RNA/DNA que permite a visualização das bandas de DNA/RNA quando exposto à luz ultravioleta.

Para visualização do RNA ribossomal (18S e 28S) no gel de agarose foi utilizado o transiluminador de luz UV, sendo o RNA fotodocumentado por meio do sistema Mini BIS Pro (Bio-Imaging Systems) com auxílio do software GEIcapture™.

#### **4.4.4 Tratamento com DNase**

A fim de se obter amostras de RNA desprovidas de contaminação genômica, estas foram submetidas a uma digestão por DNase utilizando o kit RQ1 RNase-Free DNase (Promega, Estados Unidos) com algumas modificações nos volumes indicados pelo fabricante.

Para cada amostra foram adicionados 6,5 µL de H<sub>2</sub>O livre de RNase + RNA total (1 µg), 1 µL do tampão e 2,5 µL da DNase. Após leve homogeneização, o mix (10 µL) foi incubado à 37 °C por 30 minutos para digestão de possíveis contaminações com DNA genômico. Após a digestão foi adicionado 1 µL da solução de parada e o novo mix (11 µL) foi incubado à 65 °C por 10 minutos para inativar a DNase e terminar a reação. Logo em seguida as amostras foram submetidas a reação de transcrição reversa (RT).

#### **4.4.5 Síntese de DNA complementar (cDNA)**

Após as análises de pureza e integridade descritas anteriormente, o RNA total foi utilizado para a síntese do DNA complementar (cDNA), utilizando o Kit da IMpromII™ Transcriptase Reverse (Promega, Estados Unidos) de acordo com as instruções do fabricante. Na reação foram adicionados aproximadamente 0,5 µg de RNA total, oligodT<sub>18</sub>, MgCl<sub>2</sub> 25 mM, dNTPs 10 mM, tampão de reação 5X e água livre de RNases (Quiagen). A Tabela 4 mostra os reagentes utilizados para esta reação, bem como os seus respectivos volumes.

A solução obtida após a adição dos reagentes supracitados (19 µL) foi submetida a 65 °C por 5 minutos para desnaturação e, posteriormente, transferidos para o gelo. Logo após, 1 µL da enzima transcriptase reversa foi adicionada em cada tubo de reação, completando o volume para 20 µL.

A reação de síntese da fita complementar ocorreu a 42 °C por 1 hora, seguida de 75 °C por 15 minutos. O cDNA obtido foi armazenado a -20 °C para posteriores reações de PCR.

#### **4.4.6 Padronização para as reações de qPCR**

Tabela 4 – Componentes e volumes usados nas reações de transcrição reversa

Reagentes	Volumes
RNA total	5,5 $\mu$ L (0,5 $\mu$ g de RNA total)
Tampão 5X	4 $\mu$ L
MgCl <sub>2</sub> (25 mM)	1,6 $\mu$ L
dNTPs (10 mM)	1,0 $\mu$ L
OligodT18 (20 $\rho$ mols/ $\mu$ L)	1,5 $\mu$ L
H <sub>2</sub> O livre de RNAses	5,4 $\mu$ L
Transcriptase reversa (160 $\mu$ / $\mu$ L)	1,0 $\mu$ L

#### 4.4.6.1 Quantificação dos iniciadores específicos (PRIMERS)

Inicialmente os *primers* foram diluídos para uma concentração de 500  $\mu$ M, sendo posteriormente, quantificados em triplicata usando-se o espectrofotômetro Nanodrop 2000 (Thermo Scientific). Da média das concentrações obtidas das leituras será calculada a concentração real de cada *primer*, sendo estes, posteriormente diluídos para uma concentração de 6  $\mu$ M, a fim de se obter uma concentração final de 300 nM/ $\mu$ L, concentração esta que será utilizada nas reações de qPCR.

#### 4.4.6.2 Gradiente de temperatura

A fim de determinar a temperatura ótima para cada par de *primer* foi feito um gradiente de temperatura usando um *pool* das amostras de cDNA. O procedimento foi realizado em termociclador Mastercycler ep realplex 4S (Eppendorf®) a partir da reação de RT-PCR quantitativa descrita posteriormente. As temperaturas usadas foram (52,9; 55,5; 57,3; 59,4; 61,6; 63,6; 65,4 e 68 °C). Foram selecionadas as temperaturas de menor Ct e com as curvas mais típicas (sigmóides).

#### 4.4.6.3 PCR

A reação de PCR foi realizada para testar a qualidade do cDNA, produzido como descrito anteriormente. Utilizou-se para tal procedimento o par de *primers* referente ao gene de interesse a uma concentração de 500  $\mu$ M. Para cada reação foi utilizado 1  $\mu$ L de cDNA,

acrescido de 5  $\mu\text{L}$  do tampão de reação 5x, 1  $\mu\text{L}$  de dNTPs (5 mM), 1  $\mu\text{L}$  de cada iniciador específico (500  $\mu\text{M}$ ) e 0,1  $\mu\text{L}$  da enzima Go Taq DNA polimerase. O volume total foi completado com água milli-q autoclavada totalizando 25  $\mu\text{L}$ .

#### 4.4.6.4 Eletroforese do cDNA amplificado

O resultado da amplificação do cDNA foi visualizado em gel de agarose 2% utilizando-se 8  $\mu\text{L}$  do produto da PCR utilizando os mesmos padrões descritos anteriormente para a eletroforese de RNA diferindo apenas na utilização de tampão TBE 0,5x.

#### 4.4.6.5 RT – qPCR

As reações de amplificação por PCR quantitativa foram realizadas a partir do cDNA obtido das reações de transcrição reversa das amostras de RNA e diluídos para uma concentração de 25  $\eta\text{g}/\mu\text{L}$ . A diluição das amostras de cDNA foi feita considerando-se a concentração de 1000  $\eta\text{g}/\mu\text{L}$ . Nas reações de qPCR foram utilizados 4  $\mu\text{L}$  de cDNA para cada reação, totalizando 100  $\eta\text{g}/\mu\text{L}$  por poço. Alíquotas da mesma amostra de cDNA foram utilizadas para todas as reações gene-específicas.

A qPCR foi realizada de acordo com o seguinte protocolo: para cada reação (poço da placa) foram adicionados 10  $\mu\text{L}$  do Power SYBR Green PCR Master Mix 2X (*Applied Biosystems*), 4  $\mu\text{L}$  de cDNA (100  $\eta\text{g}$ ), 1  $\mu\text{L}$  de cada oligonucleotídeo iniciador (senso e anti-senso) em uma concentração de 300  $\eta\text{g}/\mu\text{L}$ , e 4  $\mu\text{L}$  de água ultrapura (Milli-Q) autoclavada e livre de nucleases, totalizando 20  $\mu\text{L}$  de reação. O monitoramento em tempo real da PCR foi realizado em um termociclador Mastercycler ep realplex 4S (Eppendorf®) através da detecção dos níveis de fluorescência do SYBR Green. As análises dos dados de fluorescência obtidas foram realizadas pelo *Realplex Software*. As reações ocorreram em placas com 96 poços e foram realizadas em triplicata e conduzidas de acordo com os seguintes parâmetros: 1) 95  $^{\circ}\text{C}$  por 10 minutos; 2) 40 ciclos: 15 segundos de desnaturação a 95  $^{\circ}\text{C}$ , 15 segundos de anelamento, variando a temperatura de acordo com cada par de *primer*, e 20 segundos de extensão a 60  $^{\circ}\text{C}$ . Também foi realizada a curva de dissociação (Melting), que consistiu de 15 segundos de incubação a 95  $^{\circ}\text{C}$ , 15 segundos de incubação a 60  $^{\circ}\text{C}$  e uma subida de 95  $^{\circ}\text{C}$  com duração de 20 minutos.

#### **4.4.7 Análise dos dados de expressão por RT-qPCR**

Após a realização das reações de PCR em tempo real, os níveis de expressão gênica foram determinados pelo número de ciclos de amplificação necessários para a fluorescência (emitida pelo SYBR Green) ultrapassar um limiar durante a fase exponencial da reação de PCR, determinado pelo  $C_t$  (*Cycle threshold*). Os  $C_t$ s utilizados para as análises foram obtidos através da média aritmética entre as triplicatas de reações para cada condição e gene. Para normalização dos resultados, foi utilizada a equação  $\Delta C_t = C_t$  (gene alvo) –  $C_t$  (controle endógeno). Os valores brutos de  $C_t$  foram convertidos em dados de expressão relativa utilizando-se o método delta  $C_t$  e delta-delta  $C_t$  (LIVAK; SCHMITTGEN, 2001) com o auxílio do programa GeNorm (VANDESOMPELE *et al.*, 2002).

## 5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 5.1 Caracterização da família multigênica da UCP em soja e outras leguminosas

A análise in silico dos genomas das espécies leguminosas *Cajanus cajan*, *Glycine max*, *Glycine soja*, *Phaseolus vulgaris*, *Vigna angularis*, *Vigna radiata*, *Medicago truncatula*, *Cicer arietinum*, *Lupinus angustifolius*, *Arachis duranensis* e *Arachis ipaensis* mostram que a UCP é codificada por uma família multigênica em todas as espécies analisadas (APÊNDICE 1).

Vários genes da UCP foram identificados nas leguminosas revelando 10 genes para *Glycine max*, 7 genes para *Vigna radiata*, *Medicago truncatula*, *Cicer arietinum*, *Lupinus angustifolius*, *Arachis duranensis* e *Arachis ipaensis*, e 6 genes para *Cajanus cajan*, *Glycine soja*, *Phaseolus vulgaris* e *Vigna angularis* (TABELA 5).

Todas as pUCPs das 10 leguminosas analisadas revelaram que assim como em cana de açúcar, arroz e arábido (BORECKÝ *et al.* 2001a; NOGUEIRA *et al.*, 2005), esta proteína é codificada por uma família multigênica.

Quanto a ausência da UCP4 e 5 em *Glycine soja*, tais genes não puderam ser anotados diante da fragmentação do genoma nas posições onde estes genes se encontravam. Já para *Vigna angularis* nenhuma região foi identificada para a codificação da UCP4.

Constrastando com os achados de Borecký *et al.* (2001a) em arábido, modelo de dicotiledônea utilizado, nenhuma das espécies leguminosas analisadas apresentaram o gene UCP6 (TABELA 5), o que nos dá evidência que talvez esse gene tenha sido perdido durante os eventos de especiação da ordem fabales, apresentando então apenas as cinco isoformas de SsUCPs presentes na monocotiledônea (Cana de açúcar) analisada pelo mesmo autor e semelhante as UCPs encontradas em animais (DONADELLI *et al.*, 2014).

Outra característica distinta quando comparamos as pUCPs de leguminosas com arábido, arroz e cana de açúcar, se refere à duplicação ocorrida na UCP1 de todas as leguminosas, da UCP4 em *Glycine max* e *Lupinus angustifolius* e da UCP5 em *Glycine max*, *Vigna angularis*, *Vigna radiata*, *Medicago truncatula*, *Cicer arietinum* e *Arachis ipaensis* (TABELA 5).

Tabela 5 – Caracterização dos genes da UCPS em leguminosas e arabidopsis

Família	Tribo	Espécie (Nome comum)	Cobertura do genoma e cultivar	Nº de genes	UCP1	UCP2	UCP3	UCP4	UCP5	UCP6	
Brassicaceae	Camelinaeae	<i>Arabidopsis thaliana</i> (Arabeta)	-----	6	UCP1	UCP2	UCP3	UCP4	UCP5	UCP6	
		<i>Cajanus cajan</i> (Feijão guandu)	160,00x AFSP	6	UCP1a UCP1b	UCP2	UCP3	UCP4	UCP5	-----	
Fabaceae	Phaseoleae	<i>Glycine max</i> (Soja)	8,02x Williams 82	10	UCP1a1 UCP1a2 UCP1b1 UCP1b2	UCP2	UCP3	UCP4a UCP4b	UCP5a UCP5b	-----	
		<i>Glycine soja</i> (Soja Silvestre)	63,10x W05	6	UCP1a1 UCP1a2 UCP1b1 UCP1b2	UCP2	UCP3	-----	-----	-----	
		<i>Phaseolus vulgaris</i> (Feijão comum)	21,02X G19833	6	UCP1a UCP1b	UCP2	UCP3	UCP4	UCP5	-----	
		<i>Vigna angularis</i> (Feijão azuqui)	65,00x IT213134	6	UCP1a UCP1b	UCP2	UCP3	-----	UCP5a UCP5b	-----	
		<i>Vigna radiata</i> (Feijão da china)	300,00x VC1973A	7	UCP1a UCP1b	UCP2	UCP3	UCP4	UCP5a UCP5b	-----	
		<i>Medicago truncatula</i> (Luzerna cortada)	90,00x A17	7	UCP1a UCP1b	UCP2	UCP3	UCP4	UCP5a UCP5b	-----	
	Cicereae	Cicereae	<i>Cicer arietinum</i> (Grão de bico)	13,00X ICC4958	7	UCP1a UCP1b	UCP2	UCP3	UCP4	UCP5a UCP5b	-----
			<i>Lupinus angustifolius</i> (Tremoeiro azul)	26,90x Tanjil	7	UCP1a UCP1b	UCP2	UCP3	UCP4a UCP4b	UCP5	-----
		Dalbergieae	<i>Arachis duranensis</i> ( <i>Amendoim silvestre</i> )	100,00x V14167	7	UCP1aI UCP1aII UCP1b	UCP2	UCP3	UCP4	UCP5	-----
			<i>Arachis ipaensis</i> ( <i>Arachis</i> )	100,00x K30076	7	UCP1a UCP1b	UCP2	UCP3	UCP4	UCP5a UCP5b	-----

Fonte: Produção do próprio autor  
Em amarelo os genes duplicados.  
--- = sequência não identificada

Tal duplicação também já foi encontrada nas monocotiledôneas *Symplocarpus foetidus* (*SfUCPa* e *SfUCPb*) e *Triticum aestivum*, esta última pertencente a mesma ordem de cana de açúcar (*WhUCP1a* e *WhUCP1b*) (ITO, 1999; MURAYAMA; HANDA, 2000). É interessante



o fato da cana de açúcar e do trigo pertencerem a ordem poales, porém apenas o trigo apresentar duplicação do gene UCP1.

Nas dicotiledôneas a duplicação da UCP1 já foi evidenciada em *Vigna unguiculata* (*VuUCP1a* e *VuUCP1b*) e *Glycine max* (*GmUCP1a* e *GmUCP1b*, aqui classificadas como *GmUCP1a1* e *GmUCP1b1*), ambas exemplares de leguminosas (GARANTIZADO *et al.*, 2011; NOGUEIRA *et al.*, 2005).

A presença de 4 UCPs do tipo 1 e de todas as outras GmUCPs do tipo 2 ao 5, encontradas neste trabalho em *Glycine max*, é um achado inédito para a literatura científica, além de ser a espécie com mais genes codificantes da UCP encontrada até o presente momento (10 genes).

Em plantas, ainda não foi encontrado nenhum indício de duplicação em UCPs do tipo 4 e 5, porém Nogueira *et al.* (2005) já tinha evidenciado a presença de três membros do tipo 4 em *Rattus norvegicus* (*RnUCP4a*, *RnUCP4b* e *RnUCP4c*).

Os eventos de duplicação do genoma da soja e a presença de vários genes parálogos em soja, codificadores da pUCP, indicam que estes genes podem ter surgido tanto por eventos de duplicação gênica chamados neofuncionalização (uma cópia pode adquirir uma nova função que beneficia o organismo e persiste pela ação da seleção natural, mantendo na outra cópia a função original), geralmente envolvido no processo de poliploidia (NI *et al.*, 2009), quanto por subfuncionalização (ambas as cópias podem dividir as funções entre si de modo que a sua função conjunta é a mesma que a do gene ancestral) (SANTOS, 2007).

Genes duplicados pertencentes a mesma espécie são considerados genes parálogos, enquanto genes encontrados em espécies diferentes são considerados genes ortólogos (MAGADUM *et al.*, 2013). Como exemplos de genes parálogos temos os genes *GmUCPs* de *Glycine max*, enquanto para gene ortólogos podemos citar o gene *UCP2* de *Glycine max* e *Glycine soja*.

Há uma forte evidência para um evento de duplicação do genoma após a divergência das eudicotiledôneas e um segundo evento de poliploidização algum tempo depois da divergência de *Arabidopsis* e *Brassica* do seu ancestral comum com as *Malvaceae*, representado pela planta de algodão (ADAMS; WENDEL, 2005).

A soja tem sido considerada um tetraplóide estável com genomas diploidizados (GURLEY *et al.*, 1979). Em plantas, o processo de poliploidia pode ter ocorrido na linhagem de pelo menos 70% das angiospermas (MASTERSON, 1994). Poliploidia é um processo evolucionário onde dois ou mais genomas são trazido para o mesmo núcleo por hibridização seguida pela duplicação do cromossomo (MAGADUM *et al.*, 2013).

A presença de dois genes com função idêntica no genoma é improvável de ser mantida no cromossomo a não ser que a presença de uma quantidade extra do produto deste gene seja vantajosa para a espécie (NOWAK *et al.*, 1997). Após a duplicação, ambos genes filhos são mantidos no genoma por um período de tempo até eles se diferenciarem em alguns aspectos de suas funções, este processo intitulado subfuncionalização, é caracterizado por ambos genes filhos adotarem parte das funções do seu gene parental (MAGADUM *et al.*, 2013). Como exemplo temos o gene *engrailed-1* e *engrailed-1b*, pares de genes do fator de transcrição em peixe zebra gerados por uma duplicação de um segmento cromossomal (FORCE *et al.*, 1999).

Também foi possível estabelecer as localizações dos genes nos cromossomos para as espécies leguminosas *Glycine max*, *Phaseolus vulgaris* e *Vigna radiata* pelo banco de dados WGS no NCBI e para *Medicago truncatula* a partir do Phytozome (<http://www.phytozome.net/>). Os genes das pUCPs estão distribuídos entre 8 cromossomos em *Glycine max*, 6 cromossomos em *Phaseolus vulgaris*, 5 cromossomos e 1 scaffold em *Vigna radiata* e entre 5 cromossomos e 2 contigs em *Medicago truncatula* (TABELA 6). A não identificação dos cromossomos para *UCP1a* de *Vigna radiata* e *UCP1b* e 2 de *Medicago truncatula* foi devido a montagem final dos genomas dessas espécies ainda não ter sido concluída.

Um mapeamento das pUCPs em *Arabidopsis* revelou que cada gene está localizado em diferentes cromossomos, exceto pelo gene *AtUCP2* (9 éxons) e *AtUCP6* (1 éxon), encontrados em extremidades opostas do cromossomo 5 (BORECKÝ *et al.*, 2006).

De maneira similar todas as pUCPs analisadas nas leguminosas mostraram estar localizadas em cromossomos diferentes, exceto pelos genes *GmUCP2* (9 éxons) e *GmUCP5b* (1 éxon) de *Glycine max* e os genes *VrUCP1b* (9 éxons) e *VrUCP5b* (1 éxon), ambos da tribo Phaseoleae.

A localização dos genes *AtUCP1*, *AtUCP2*, *AtUC4* e *AtUCP5* dentro ou perto de regiões duplicadas no genoma de *Arabidopsis* (BLANC *et al.*, 2000) e as similaridades estruturais entre seus membros da família multigênica de *AtUCP* sugerem que estes genes foram originados através de eventos de duplicação. Estas observações dão suporte as subfamílias definidas na árvore filogenética na figura 10, corroborando com a existência de três grupos distintos de pUCPs (BORECKÝ *et al.*, 2006).

Análises das regiões no genoma da soja devem ser realizadas para saber se as *GmUCPs* também podem ter se duplicado por se localizarem em regiões duplicadas ou foi em decorrência de outro evento.

Tabela 6 – Localização das UCPs nos cromossomos de leguminosas

Espécie	2n	Banco de dados	Gene	Cromossomo
<i>Glycine max</i>	40	WGS-NCBI	UCP1a1	3
			UCP1a2	1
			UCP1b1	18
			UCP1b2	7
			UCP2	8
			UCP3	10
			UCP4a	2
			UCP4b	1
			UCP5a	4
			UCP5b	8
<i>Phaseolus vulgaris</i>	20	WGS-NCBI	UCP1a	10
			UCP1b	8
			UCP2	6
			UCP3	7
			UCP4	2
			UCP5	9
<i>Vigna radiata</i>	22	WGS-NCBI	UCP1a	scaffold_133
			UCP1b	6
			UCP2	10
			UCP3	8
			UCP4	11
			UCP5a	5
<i>Medicago truncatula</i>	16	Phytozome	UCP5b	6
			UCP1a	4
			UCP1b	contig_53621
			UCP2	contig_52859
			UCP3	1
			UCP4	5
			UCP5a	3
UCP5b	8			

Fonte: Produção do próprio autor

Em amarelo os genes encontrados no mesmo cromossomo.

A análise das estruturas dos éxons entre todas as sequências de cDNA obtidas neste trabalho nos mostra estruturas semelhantes entre as espécies quando comparadas com *arabidopsis*. Para a *UCP1*, com exceção da *UCP1b* de *Cicer arietinum*, que teve 10 éxons e 9 íntrons, todas as outras *UCPs1* de leguminosas apresentaram 9 éxons e 8 íntrons em sua estrutura, assim como para todas as *UCPs2* (TABELAS 7 e 8).

Para a *pUCP3*, com exceção de *Medicago truncatula*, que apresentou apenas 2 éxons e 1 íntron, todas as outras *UCPs3* de leguminosas apresentaram 3 éxons e 2 íntrons (TABELA

9). As estruturas das *UCPs4* e *5* foram similares em todas as espécies de leguminosas estudadas neste trabalho apresentando apenas 1 éxon (TABELAS 10 e 11).

## **5.2 Análises do tamanho dos transcritos, cDNAs e proteínas**

A análise do número de aminoácidos das UCPs do tipo 1, 2 e 3 revelam semelhança entre as espécies leguminosas da tribo phaseoleae (marcadas em amarelo), (305, 297 e 305, respectivamente), excetuando *CcUCP3* com 303 aa e apresentando pequenas variações entre os tamanhos das demais espécies, 303 a 306 para UCP1, 300 a 307 para UCP2 e 302 a 305 para UCP3. Para as UCPs dos tipos 4 e 5 os tamanhos variaram entre 313 a 325 e 300 a 315, respectivamente (TABELAS 12, 13, 14, 15 e 16).

Quanto a análise do cDNA, transcrito primário e íntrons, as UCPs de todos os tipos mostraram possuir tamanhos variados, porém é importante tentar relacionar tais dados com a expressão do seu gene já que quanto maior for o transcrito primário maior será o gasto energético no processo de transcrição (CASTILLO-DAVIS et al., 2002) (TABELAS 12, 13, 14, 15 e 16).

Tabela 7 – Tamanho dos éxons das UCPs1 em leguminosas e arabidopsis

Espécie	Gene	5'UTR/Éxon 1	Éxon 1	Éxon 2	Éxon 3	Éxon 4	Éxon 5	Éxon 6	Éxon7	Éxon 8	Éxon 9	3'UTR/Éxon 9
<i>Arabidopsis thaliana</i>	UCP-1	210	78	216	79	134	99	105	78	87	42	217
<i>Cajanus cajan</i>	UCP-1a	146	84	219	79	134	99	105	75	87	33	269
	UCP-1b	138	84	219	79	134	99	105	75	87	33	377
<i>Glycine max</i>	UCP-1a1	314	84	219	79	134	99	105	75	87	33	282
	UCP-1a2	180	84	219	79	134	99	105	75	87	33	278
	UCP-1b1	216	84	219	79	134	99	105	75	87	33	307
<i>Glycine soja</i>	UCP-1b2	96	84	219	79	134	99	105	75	87	33	306
	UCP-1a1	314	84	219	79	134	99	105	75	87	33	325
	UCP-1a2	240	84	219	79	134	99	105	75	87	33	324
<i>Phaseolus vulgaris</i>	UCP-1b1	154	84	219	79	134	99	105	75	87	33	325
	UCP-1b2	200	84	219	79	134	99	105	75	87	33	306
	UCP-1a	217	84	219	79	134	99	105	75	87	33	369
<i>Vigna angularis</i>	UCP-1b	12	84	219	79	134	99	105	75	87	33	178
	UCP-1a	120	84	216	79	134	99	105	75	87	33	136
<i>Vigna radiata</i>	UCP-1b	136	84	216	79	134	99	105	75	87	33	258
	UCP-1a	114	84	216	79	134	99	105	75	87	33	203
<i>Medicago truncatula</i>	UCP-1b	399	84	216	79	134	99	105	75	87	33	242
	UCP-1a	106	78	219	79	134	99	105	75	87	33	290
<i>Cicer arietinum</i>	UCP-1b	32	84	219	79	134	99	105	75	87	33	101
	UCP-1a	177	87	219	79	134	99	105	75	87	33	317
<i>Lupinus angustifolius</i>	UCP-1b	123-2 *	84	216	79	134	99	105	75	87	33	316
	UCP-1a	3	84	216	79	134	99	105	75	87	33	154
<i>Arachis duranensis</i>	UCP-1b	42	84	213	79	134	99	105	75	87	33	181
	UCP-1aI	204	84	219	79	134	99	105	75	87	33	161
	UCP-1aII	122	84	219	79	134	99	105	75	87	33	172
<i>Arachis ipaensis</i>	UCP-1b	309	84	219	79	134	99	105	75	87	33	247
	UCP-1a	6	84	216	79	134	99	105	75	87	33	174

UCP-1b	314	84	216	79	134	99	105	75	87	33	360
--------	-----	----	-----	----	-----	----	-----	----	----	----	-----

Fonte: Produção do próprio autor

Em azul os valores mais diferenciados

\* = possui um íntron no final do éxon subdividindo-o em 123 e 2 pb antes do códon de iniciação

Tabela 8 – Tamanho dos éxons das UCPs2 em leguminosas e arabidopsis

Espécie	Gene	5'UTR/Éxon 1	Éxon 1	Éxon 2	Éxon 3	Éxon 4	Éxon 5	Éxon 6	Éxon7	Éxon 8	Éxon 9	3'UTR/Éxon 9
<i>Arabidopsis thaliana</i>	UCP-2	240	81	219	79	134	99	105	75	87	36	184
<i>Cajanus cajan</i>	UCP-2	128	72	219	79	134	99	105	75	87	21	485
<i>Glycine Max</i>	UCP-2	180	72	219	79	134	99	105	75	87	21	418
<i>Glycine soja</i>	UCP-2	193	72	219	79	134	99	105	75	87	21	446
<i>Phaseolus vulgaris</i>	UCP-2	---	72	219	79	134	99	105	75	87	21	---
<i>Vigna angularis</i>	UCP-2	123	72	219	79	134	99	105	75	87	21	440
<i>Vigna radiata</i>	UCP-2	165	72	219	79	134	99	105	75	87	21	434
<i>Medicago truncatula</i>	UCP-2	106	78	222	79	134	99	105	75	87	21	432
<i>Cicer arietinum</i>	UCP-2	68	78	243	79	134	99	105	75	87	21	442
<i>Lupinus angustifolius</i>	UCP-2	5	81	219	79	134	99	105	75	87	21	222
<i>Arachis duranensis</i>	UCP-2	137	81	219	79	134	99	105	75	87	21	407
<i>Arachis ipaensis</i>	UCP-2	195	81	219	79	134	99	105	75	87	21	346

Fonte: Produção do próprio autor

Em azul os valores mais diferenciados

--- = região não encontrada

Tabela 9 – Tamanho dos éxons das UCPs3 em leguminosas e arabidopsis

Espécie	Gene	5'UTR/Éxon 1	5'UTR/Éxon 2	Éxon 2	Éxon 3	3'UTR/Éxon 3
<i>Arabidopsis thaliana</i>	UCP-3	---	71	387	528	249
<i>Cajanus cajan</i>	UCP-3	123	58	369	540	178
<i>Glycine Max</i>	UCP-3	118	115	375	540	176
<i>Glycine soja</i>	UCP-3	116	115	375	540	207
<i>Phaseolus vulgaris</i>	UCP-3	147	104	375	540	167
<i>Vigna angularis</i>	UCP-3	491	121	375	540	204
<i>Vigna radiata</i>	UCP-3	229	94	375	540	198
<i>Medicago truncatula</i>	UCP-3	-----	78	366	540	65
<i>Cicer arietinum</i>	UCP-3	76	147	375	540	140
<i>Lupinus angustifolius</i>	UCP-3	148	9	375	540	98
<i>Arachis duranensis</i>	UCP-3	297	110	375	537	12
<i>Arachis ipaensis</i>	UCP-3	297	110	375	537	183

Fonte: Produção do próprio autor

Em azul os valores mais diferenciados

--- = região não encontrada

Tabela 10 – Tamanho dos éxons das UCPs4 em leguminosas e arabidopsis

Espécie	Gene	5'UTR/Éxon 1	Éxon 1	3'UTR/Éxon 1
<i>Arabidopsis thaliana</i>	UCP-4	131	939	154
<i>Cajanus cajan</i>	UCP-4	230	948	125
<i>Glycine Max</i>	UCP-4a	183	954	157
	UCP-4b	177	954	146
<i>Phaseolus vulgaris</i>	UCP-4	232	948	382
<i>Vigna angularis</i>	UCP-4	---	---	---
<i>Vigna radiata</i>	UCP-4	257	948	375
<i>Medicago truncatula</i>	UCP-4	269	966	223
<i>Cicer arietinum</i>	UCP-4	301	960	182
<i>Lupinus angustifolius</i>	UCP-4a	229	948	73
	UCP-4b	282	954	150
<i>Arachis duranensis</i>	UCP-4	191	927	210
<i>Arachis ipaensis</i>	UCP-4	335	927	125

Fonte: Produção do próprio autor

--- = região não encontrada

Tabela 11 – Tamanho dos éxons das UCPs5 em leguminosas e arabidopsis

<b>Espécie</b>	<b>Gene</b>	<b>Éxon-1/5'UTR</b>	<b>Éxon-1</b>	<b>Éxon-1/3'UTR</b>
Arabidopsis thaliana	UCP-5	279	939	290
Cajanus cajan	UCP-5	257	942	25
Glycine Max	UCP-5a	22	900	221
	UCP-5b	266	942	38
Phaseolus vulgaris	UCP-5	186	906	256
Vigna angularis	UCP-5a	185	900	111
	UCP-5b	108	903	198
Vigna radiata	UCP-5a	185	900	111
	UCP-5b	126	903	204
Medicago truncatula	UCP-5a	141	939	118
	UCP-5b	354	945	239
Cicer arietinum	UCP-5a	148	945	202
	UCP-5b	432	933	280
Lupinus angustifolius	UCP-5	59	918	86
Arachis duranensis	UCP-5	228	975	589
Arachis ipaensis	UCP-5	225	975	605

Fonte: Produção do próprio autor



Tabela 12 – Tamanho dos transcritos, cDNAs, íntrons e número de aminoácidos das proteínas das UCPs do tipo 1 em leguminosas e arábidoopsis

Espécie	Gene	Nº aa	cDNA (pb)	Transcrito primário (pb)	Íntrons (pb)
<i>Arabidopsis thaliana</i>	UCP1	306	1345	2531	1186
<i>Cajanus cajan</i>	UCP1a	305	1330	3718	2388
	UCP1b	305	1430	4995	3565
<i>Glycine max</i>	UCP1a1	305	1511	4642	3131
	UCP1a2	305	1373	4344	2971
	UCP1b1	305	1438	4538	3100
	UCP1b2	305	1317	4592	3275
<i>Glycine soja</i>	UCP1a1	305	1554	4682	3128
	UCP1a2	305	1479	4413	2934
	UCP1b1	305	1394	4558	3164
	UCP1b2	305	1421	4648	3227
<i>Phaseolus vulgaris</i>	UCP1a	305	1501	3920	2419
	UCP1b	305	1105	3454	2349
<i>Vigna angularis</i>	UCP1a	305	1168	3957	2789
	UCP1b	305	1306	3496	2190
<i>Vigna radiata</i>	UCP1a	305	1229	3916	2687
	UCP1b	305	1553	3739	2186
<i>Medicago truncatula</i>	UCP1a	303	1305	4381	3076
	UCP1b	305	1048	3992	2944
<i>Cicer arietinum</i>	UCP1a	306	1412	5062	3650
	UCP1b	304	1228	4582	3354
<i>Lupinus angustifolius</i>	UCP1a	304	1069	4210	3141
	UCP1b	303	1132	4078	2946
<i>Arachis duranensis</i>	UCP1aI	305	1280	4008	2728
	UCP1aII	305	1209	3727	2518
	UCP1b	305	1471	3808	2337
<i>Arachis ipaensis</i>	UCP1a	305	1092	13599	12507
	UCP1b	305	1586	3972	2386

Fonte: Produção do próprio autor

Tabela 13 – Tamanho dos transcritos, cDNAs, íntrons e número de aminoácidos das proteínas das UCPs do tipo 2 em leguminosas e arábidoopsis

Espécie	Gene	Nº aa	cDNA (pb)	Transcrito primário (pb)	Íntron (pb)
<i>Arabidopsis thaliana</i>	UCP2	305	1339	2798	1459
<i>Cajanus cajan</i>	UCP2	297	1504	4423	2919
<i>Glycine max</i>	UCP2	297	1489	4498	3009
<i>Glycine soja</i>	UCP2	297	1530	4472	2942
<i>Phaseolus vulgaris</i>	UCP2	297	891	5392	4501
<i>Vigna angularis</i>	UCP2	297	1454	5022	3568
<i>Vigna radiata</i>	UCP2	297	1490	5115	3625
<i>Medicago truncatula</i>	UCP2	300	1438	4282	2844
<i>Cicer arietinum</i>	UCP2	307	1431	3816	2385
<i>Lupinus angustifolius</i>	UCP2	300	1127	4704	3577
<i>Arachis duranensis</i>	UCP2	300	1444	4590	3146
<i>Arachis ipaensis</i>	UCP2	300	1441	4587	3146

Fonte: Produção do próprio autor

Tabela 14 – Tamanho dos transcritos, cDNAs, íntrons e número de aminoácidos das proteínas das UCPs do tipo 3 em leguminosas e arábidoopsis

Espécie	Gene	Nº aa	cDNA (pb)	Transcrito primário (pb)	Íntron (pb)
<i>Arabidopsis thaliana</i>	UCP3	305	1235	1789	554
<i>Cajanus cajan</i>	UCP3	303	1268	2187	919
<i>Glycine max</i>	UCP3	305	1324	2801	1477
<i>Glycine soja</i>	UCP3	305	1353	2834	1481
<i>Phaseolus vulgaris</i>	UCP3	305	1333	2688	1355
<i>Vigna angularis</i>	UCP3	305	1731	2620	889
<i>Vigna radiata</i>	UCP3	305	1436	2624	1188
<i>Medicago truncatula</i>	UCP3	302	1049	1959	910
<i>Cicer arietinum</i>	UCP3	305	1278	2446	1168
<i>Lupinus angustifolius</i>	UCP3	305	1170	2518	3040
<i>Arachis duranensis</i>	UCP3	304	1331	2050	719
<i>Arachis ipaensis</i>	UCP3	304	1502	2235	733

Fonte: Produção do próprio autor

Tabela 15 – Tamanho dos transcritos, cDNAs, íntrons e número de aminoácidos das proteínas das UCPs do tipo 4 em leguminosas e arábido

Espécie	Gene	Nº aa	cDNA (pb)	Transcrito primário (pb)	Íntron (pb)
<i>Arabidopsis thaliana</i>	UCP4	313	1224	1224	0
<i>Cajanus cajan</i>	UCP4	316	1303	1303	0
<i>Glycine max</i>	UCP4a	317	1294	1294	0
	UCP4b	317	1277	1277	0
<i>Phaseolus vulgaris</i>	UCP4	316	1562	1562	0
<i>Vigna angularis</i>	UCP4	-----	-----	-----	-----
<i>Vigna radiata</i>	UCP4	316	1580	1580	0
<i>Medicago truncatula</i>	UCP4	322	1458	1458	0
<i>Cicer arietinum</i>	UCP4	320	1443	1443	0
<i>Lupinus angustifolius</i>	UCP4a	316	1250	1250	0
	UCP4b	318	1386	1386	0
<i>Arachis duranensis</i>	UCP4	325	1328	1328	0
<i>Arachis ipaensis</i>	UCP4	325	1387	1387	0

Fonte: Produção do próprio autor

Tabela 16 – Tamanho dos transcritos, cDNAs, íntrons e número de aminoácidos das proteínas das UCPs do tipo 5 em leguminosas e arábido

Espécie	Gene	Nº aa	cDNA (pb)	Transcrito primário (pb)	Íntron (pb)
<i>Arabidopsis thaliana</i>	UCP5	313	1508	1508	0
<i>Cajanus cajan</i>	UCP5	314	1224	1224	0
<i>Glycine max</i>	UCP5a	300	1143	1143	0
	UCP5b	314	1246	1246	0
<i>Phaseolus vulgaris</i>	UCP5	302	1348	1348	0
<i>Vigna angularis</i>	UCP5a	300	1196	1196	0
	UCP5b	301	1209	1209	0
<i>Vigna radiata</i>	UCP5a	300	1196	1196	0
	UCP5b	301	1233	1233	0
<i>Medicago truncatula</i>	UCP5a	313	1198	1198	0
	UCP5b	315	1538	1538	0
<i>Cicer arietinum</i>	UCP5a	315	1295	1295	0
	UCP5b	311	1645	1645	0
<i>Lupinus angustifolius</i>	UCP5	306	1063	1063	0
<i>Arachis duranensis</i>	UCP5	309	1792	1792	0
<i>Arachis ipaensis</i>	UCP5	309	1805	1805	0

Fonte: Produção do próprio autor

### 5.3 Análises das sequências de cDNAs, proteínas e promotores das UCPs em soja

Os cDNAs, proteínas e promotores deduzidos de *Glycine max* foram alinhados usando o programa CLUSTAL W (<http://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalw2/>). A identidade foi dividida em três categorias diferentes: alta em verde (71-99%), moderada em amarelo (41-70%) e baixa em vermelho (1-40%).

Entre os 10 genes analisados, a identidade entre as sequências de cDNAs deduzidas foi bem variável, mostrando alta identidade de 77-93% entre as UCPs do tipo 1 e moderada a alta identidade (61-92%) entre as do tipo 4 e 5. As UCPS dos tipos 2 e 3 apresentaram identidade moderada quando comparadas com as outras UCPs, sendo de 51-70% para o tipo 2 e de 49-57% para o tipo 3 (TABELA 17).

Para as sequências de aminoácidos pode-se notar alta identidade (75-93%) entre as UCPs dos tipos 1 e 2, assim como entre as UCPs dos tipos 4 e 5 (72-92%). Quando comparadas as demais UCPs com as do tipo 3 todas apresentaram baixa identidade (32-40%). A análise das sequências de promotores apresentou identidade moderada entre todas as UCPs (TABELAS 18 e 19).

Tabela 17 – Análises das sequências de cDNAs em soja

	UCP1a1	UCP1a2	UCP1b1	UCP1b2	UCP2	UCP3	UCP4a	UCP4b	UCP5a	UCP5b
UCP1a1	-----	91%	79%	77%	65%	57%	53%	55%	58%	54%
UCP1a2	91%	-----	75%	75%	70%	56%	53%	51%	55%	51%
UCP1b1	79%	75%	-----	93%	70%	54%	50%	50%	57%	51%
UCP1b2	77%	75%	93%	-----	69%	55%	50%	50%	56%	50%
UCP2	65%	70%	70%	69%	-----	56%	51%	52%	59%	54%
UCP3	57%	56%	54%	55%	56%	-----	49%	50%	54%	52%
UCP4a	53%	53%	50%	50%	51%	49%	-----	92%	70%	74%
UCP4b	55%	51%	50%	50%	52%	50%	92%	-----	72%	73%
UCP5a	58%	55%	57%	56%	59%	54%	70%	72%	-----	61%
UCP5b	54%	51%	51%	50%	54%	52%	74%	73%	61%	-----

Fonte: Produção do próprio autor

Tabela 18 – Análises das sequências de proteínas em soja

	UCP1a1	UCP1a2	UCP1b1	UCP1b2	UCP2	UCP3	UCP4a	UCP4b	UCP5a	UCP5b
UCP1a1	-----	97%	90%	89%	77%	36%	38%	37%	40%	36%
UCP1a2	97%	-----	89%	88%	78%	36%	38%	37%	39%	35%
UCP1b1	90%	89%	-----	96%	76%	37%	37%	37%	40%	35%
UCP1b2	89%	87%	96%	-----	75%	36%	36%	37%	39%	35%
UCP2	76%	76%	74%	74%	-----	36%	34%	34%	35%	32%
UCP3	33%	33%	34%	33%	34%	-----	32%	32%	35%	35%
UCP4a	37%	37%	36%	36%	35%	31%	-----	96%	75%	84%
UCP4b	36%	37%	36%	36%	35%	31%	96%	-----	76%	83%
UCP5a	38%	39%	38%	38%	36%	34%	80%	81%	-----	74%
UCP5b	34%	34%	35%	34%	33%	33%	84%	84%	77%	-----

Fonte: Produção do próprio autor

Tabela 19 – Análises dos promotores dos cDNAs das UCPs em soja

	UCP1a1	UCP1a2	UCP1b1	UCP1b2	UCP2	UCP3	UCP4a	UCP4b	UCP5a	UCP5b
UCP1a1	-----	53%	55%	52%	52%	49%	54%	52%	56%	53%
UCP1a2	53%	-----	44%	44%	46%	49%	47%	48%	43%	46%
UCP1b1	55%	44%	-----	62%	53%	50%	56%	52%	58%	51%
UCP1b2	52%	44%	62%	-----	53%	52%	51%	53%	52%	50%
UCP2	52%	46%	53%	53%	-----	52%	55%	53%	50%	50%
UCP3	49%	49%	50%	52%	52%	-----	50%	51%	54%	52%
UCP4a	54%	47%	56%	51%	55%	50%	-----	69%	51%	56%
UCP4b	52%	48%	52%	53%	53%	51%	69%	-----	50%	56%
UCP5a	56%	43%	58%	52%	50%	54%	51%	50%	-----	50%
UCP5b	53%	46%	51%	50%	50%	52%	56%	56%	50%	-----

Fonte: Produção do próprio autor

#### 5.4 Análises das sequências específicas das UCPs

Alinhamentos de todas as sequências de proteínas das UCPs ( tipo 1-6) foram obtidos através do CLUSTALW para a análise e identificação dos três SPTE (Sinal Proteico de Transferência de Energia) presentes em todas as UCPs, bem como a identificação das quatro assinaturas específicas das UCPs presentes nas  $\alpha$ -hélices transmembranares (apêndices 02, 03 e 04).

Em todas as UCPs analisadas foi possível localizar a presença das três cópias da assinatura SPTE, enquanto que outros membros FCAM possuem apenas uma ou duas cópias como proposto por Borecky *et al.* (2001a). Também foi possível localizar os quatro domínios  $\alpha$ -hélices específicos das UCPs presentes no primeiro, segundo, quarto e sexto segmento  $\alpha$ -hélice transmembranar, assim como a presença do *doublet* (Cys/Thr-His) específico da UCP no quinto segmento  $\alpha$ -hélice transmembranar (JEZEK; URBANKOVÁ, 2000).

As três cópias da assinatura SPTE e as quatro assinaturas específicas das UCPs encontradas em todas as UCPS analisadas mostraram variações específicas em algumas espécies e tipos de UCP. As UCPs analisadas foram comparadas com as sequências de *Arabidopsis thaliana* (*AtUCP1*, *AtUCP3* e *AtUCP5*) para as UCPs dos tipos 1 e 2, tipo 3 e tipos 4, 5 e 6 respectivamente, e os aminoácidos variáveis foram marcados em rosa. A tabela 20 mostra a legenda de cada aminoácido, sua abreviatura, assim como suas características relacionadas ao grupo R (afinidade a água, polaridade e a natureza).

Para as UCPs do tipo 1 e 2 as sequências do SPTE variaram para as três assinaturas respectivamente em: (Pro-Leu-Asp-Thr-Ala/Val-Lys/Gln-Val-Arg-Leu-Gln-Leu-Gln), (Pro-Thr-Asp-Leu/Ile-Val-Lys/Glu-Val-Arg-Leu-Gln-Ala/Ser/Thr-Glu/Asp) e (Pro-Val/Ile-Asp-Val-Val-Lys-Ser/Leu-Arg/Ser-Met-Met-Gly-Asp). Para as UCps do tipo 3 em: (Pro-Leu/Ile/Val-Asp-Leu/Ala-Ile/Val/Thr-Lys-Thr-Arg-Leu/Met-Gln-Leu-His), (Pro-Ala-Asp-Leu-Met/Val/Ile-Lys-Val-Arg-Met-Gln-Ala-Asp) e (Pro-Ala-Asp-Val-Ile/Val-Lys-Thr-Arg-Met-Met-Asn-Gln). E para as UCPs do tipo 4, 5 e 6 em: (Pro-Leu-Asp-Leu-Ile-Lys-Val-Arg-Met/Leu-Gln-Leu-Gln/His), (Pro-Ala-Asp-Val/Leu-Ala/Ser-Met-Val-Arg-Met-Gln-Ala-Asp) e (Pro-Val/Ile-Asp-Val-Ile/Val-Lys-Thr-Arg-Val/Met-Met-Asn/Ser-Met/Ala).

Tabela 20 – Classificação do grupamento R de cada aminoácido

Afinidade à água	Polaridade	Natureza	Aminoácido
Hidrofóbicos	Apolar	Alifático	Glicina (Gly/G)
			Alanina (Ala/A)
			Valina (Val/V)
			Leucina (Leu/L)
			Isoleucina (Ile/I)
			Fenilalanina (Phe/F)
			Triptofano (Trp/W)
Hidrofílicos	Apolar	Amina secundária	Prolina (Pro/P)
	Apolar	Sulfonado	Metionina (Met/M)
			Cisteína (Cys/C)
	Polar não carregado	Aromático	Tirosina (Tyr/Y)
	Polar não carregado	Hidroxilado	Serina (Ser/S)
			Treonina (Thr/T)
	Polar não carregado	Dicarboxílico	Asparagina (Asn/N) Glutamina (Gln/Q)
	Polar carregado positivamente	Básico	Histidina (His/H)
			Lisina (Lys/K) Arginina (Arg/R)
	Polar carregado negativamente	Amida de ácido dicarboxílico	Ácido aspártico (Asp/D)
Ácido glutâmico (Glu/E)			

Fonte: Produção do próprio autor

Em soja, as três sequências SPTE das GmUCPs dos tipos 1 e 2 foram totalmente conservadas. Nas *GmUCPs* do tipo 3 apenas o primeiro SPTE teve duas substituições quando comparadas com *arabidopsis*, treonina (polar não carregado) para isoleucina (não polar) e metionina para leucina (ambos não polares). Para as *GmUCPs* dos tipos 4 e 5, com exceção de *GmUCP4b* e *5a* que tiveram uma substituição no terceiro SPTE do aminoácido valina para isoleucina (ambos não polares), todas *GmUCPs* destes tipos apresentaram os três SPTE bem conservados.

Quanto as quatro assinaturas específicas das UCPs dos tipos 1 e 2 ocorreram as seguintes variações nas sequências analisadas respectivamente: (Ala-Cys-Val/Phe-Gly/Ala-Glu-Val/Phe/Ile/Ala/Leu-Cys/Thr/Ser-Thr-Ile/Leu), (Gly-Leu/Ile/Met-His/Gln-Arg/His-Gln-

Cys/Phe-Leu/Val/Ile-Phe/Tyr/Asn-Gly-Gly-Leu-Arg-Ile-Gly/Arg-Met/Leu), (Pro/Ala-Asn-Val/Ile-Ala/Thr-Arg-Asn-Ala/Gly-Ile-Ile/Val-Asn-Ala-Ala-Glu-Leu-Ala-Ser) e (Glu-Gln-Ala/Thr/Val-Ly/Gln/Arg-Lys/Arg/Asn/Met-Tyr/Phe/Val/Ile/Leu-Val/Phe/Ile/Leu/Ala). Para as UCPs do tipo 3 em: (Ser-Ala-Met-Val/Met-Ala-Glu-Ser/Thr/Ala-Val/Thr/Ser-Thr-Phe/Tyr), (Ala-Ile/Val-Ile/Leu/Phe-Arg-His-Leu/Met-Phe/Met-Tyr-Thr/Ser-Pro-Ile/Leu-Arg-Ile-Ile/Val-Gly), (Pro-Asn-Ile/Val/Ala-Gln-Arg-Ala-Phe-Leu-Val-Asn-Met-Gly-Glu-Leu-Ala/Thr-Cys/Val) e (Glu-Lys-Phe/Leu-Arg-Leu/Lys/Gln/Asn-Leu/Phe/Ile-Ala/Ser). E para as UCPs dos tipos 4, 5 e 6 em: (Ser/Ala-Ile/Val-Val/Ile-Ala-Gly-Cys/Ser/Ala-Ser/Thr/Leu-Thr-His), (Thr-Val/Met/Ile/Leu-Leu-Arg-Gln-Thr/Leu/Met/Ala/Cys/Val-Leu-Tyr-Ser-Thr/Ala-Thr-Arg-Met-Gly-Leu/Ile), (Leu-Thr-Ile/Val-Asn-Arg-Ala-Met-Leu/Ile-Val-Thr-Ser/Ala-Ser/Ala-Gln-Leu-Ala-Ser/Thr) e (Glu-Gln-Val/Leu-Lys/Gly-Leu/Val-Phe/Leu).

Em soja, as quatro sequências específicas das *GmUCPs* dos tipos 1 e 2 apresentaram variações dos resíduos quando comparadas com arábido. Na primeira assinatura ocorre duas substituições em todas as *GmUCPs*, valina e glicina por fenilalanina e alanina respectivamente (ambas apolares), além de uma substituição apenas nas *GmUCPs1b* de isoleucina por leucina (ambas apolares) e outra apenas na *GmUCP2*, valina por fenilalanina (ambas apolares). Na segunda assinatura tanto as *GmUCPs1a* quanto *GmUCP2* sofreram substituição de fenilalanina (apolar) por tirosina (polar não carregado) enquanto que nas *GmUCPs1b* a substituição ocorreu por arparagina (também polar não carregado). Todas as *GmUCPs* sofreram a substituição do último resíduo metionina por uma leucina (ambas apolares). Na terceira assinatura todas as *GmUCPs* sofreram substituições entre aminoácidos apolares, no terceiro resíduo de valina por isoleucina e substituição específica do primeiro resíduo prolina por alanina na *GmUCP2* e do sétimo resíduo alanina por glicina nas *GmUCPs* do tipo 1. Na quarta assinatura todas as *GmUCPs1* sofreram substituição no terceiro resíduo alanina (apolar) por tirosina (polar não carregado) e todas *GmUCPs* sofreram substituição do sexto resíduo tirosina (polar não carregado) por fenilalanina no tipo 1 e por valina no tipo 2 (ambos apolares), além da substituição específica apenas do tipo 2 do oitavo resíduo valina por isoleucina (ambos apolares).

Quando analisamos as modificações ocorridas nas quatro assinaturas específicas no tipo 3, para a primeira assinatura podemos ver duas substituições no sétimo e oitavo resíduo serina (polar não carregado) e valina (apolar), respectivamente, por duas treoninas (polar não carregado). Na segunda assinatura ocorrem três substituições sem alterar a polaridade no terceiro, nono e décimo quarto resíduo leucina, treonina e isoleucina respectivamente por



metionina, serina e valina. Não ocorreu modificação na terceira assinatura e a quarta apresentou apenas substituição de duas leucinas (apolares) no quinto e sexto resíduo por lisina (polar não carregado) e fenilalanina (apolar).

Por último, quando analisamos as *GmUCPs* dos tipos 4, 5 e 6 podemos notar na primeira assinatura a substituição do segundo resíduo isoleucina por valina na *GmUCP5b* (ambas apolares), do terceiro resíduo valina por isoleucina em *GmUCP4* (ambas apolares) e *5b*, bem como do sétimo resíduo serina por treonina em *GmUCP5a* (ambas polares não carregadas). Na segunda assinatura aconteceu apenas uma substituição do sexto resíduo treonina (polar não carregado) por leucina (apolar). Na terceira assinatura todas as *GmUCPs* sofreram substituição do terceiro resíduo isoleucina (apolar) e o décimo primeiro resíduo serina (polar não carregado) por valina e alanina respectivamente (ambos apolares), apenas *GmUCP5a* sofreu uma substituição adicional do oitavo resíduo leucina por isoleucina (ambos apolares). Na quarta assinatura ocorreram modificações no quarto resíduo lisina por arginina em todas as *GmUCPs* e no sétimo resíduo fenilalanina por leucina com exceção da *GmUCP5a*.

As mudanças de aminoácidos encontradas entre os genes ortólogos das *GmUCPs* são decorrentes de substituições ocorridas nos genes codificantes da UCP, o que acaba provocando mudanças nas sequência de aminoácidos da cadeia polipeptídica.

O efeito mais evidente causado por essas mudanças de aminoácidos é na estabilidade proteica (KOUKOURITAKI *et al.*, 2007; ODE *et al.*, 2007). A explicação física disto pode variar desde restrições geométricas (substituição de uma cadeia lateral pequena para uma volumosa no interior da proteína), a efeitos físico-químicos (substituição de um resíduo hidrofóbico para um polar), e o rompimento de ligações de hidrogênio (SHIRLEY *et al.*, 1992).

Também é possível que a substituição do aminoácido não afete a estabilidade da proteína, mas que cause uma alteração na flexibilidade da proteína. É sabido que a capacidade das proteínas submeterem-se a mudanças conformacionais é essencial para suas funções (SONG *et al.*, 2005). Uma mutação que torna a proteína muito rígida ou que afeta conformações alostéricas, pode afetar significativamente a função proteica (SONG *et al.*, 2005). Por outro lado, uma mutação que desestabiliza e torna a proteína muito flexível, poderia levar à agregação e a formação de fibrilas (BOARD *et al.*, 1990).

A substituição de um resíduo de aminoácido catalítico ou próximo de um grupo catalítico certamente afeta a função proteica (YAMADA *et al.*, 2006). A substituição de tal

resíduo pode não cessar completamente a reação, mas poderia alterar sua cinética (KOUKOURITAKI *et al.*, 2007).

A substituição de um resíduo de aminoácido na estrutura de um peptídeo sinalizador poderia resultar em uma localização subcelular deste peptídeo diferente daquela da proteína nativa que interage com o peptídeo (TIEDE *et al.*, 2006; KRUMBHOLZ *et al.*, 2006). Isto poderia causar uma grande redução na concentração da proteína no compartimento onde ela evoluiu para funcionar. Além disso, a presença desta proteína em um compartimento “não-desejado” poderia afetar o funcionamento de outras proteínas que ali atuam (HANEMANN *et al.*, 2000).

Uma substituição de um resíduo de aminoácido localizada em uma interface, ou dentro de um sítio de ligação, poderia afetar dramaticamente a ligação entre moléculas que interagem (tais como proteína-ligante, proteína-proteína, proteína-DNA, ou proteína-membrana) (UNG *et al.*, 2006). Isto poderia ser causado simplesmente por um efeito geométrico, como por exemplo no caso de uma cadeia lateral volumosa ser introduzida em um *pocket* de ligação estreito, podendo bloquear a entrada de um ligante no sítio ativo (VAN WIJK *et al.*, 2003). A substituição de um resíduo de aminoácido que leva a uma alteração na geometria do sítio ativo poderia afetar o reconhecimento do ligante e reduzir, ou alterar a especificidade (HARDT; LAINE, 2004). Quase todas as substituições de resíduos de aminoácidos localizadas na interface de ligação afetam a ligação entre as moléculas que interagem (ORTIZ *et al.*, 1999). A afinidade de ligação poderia diminuir ou aumentar por causa da substituição, o que levaria a uma alteração da afinidade obtida com a proteína nativa, podendo afetar outros processos celulares (JONES *et al.*, 2007).

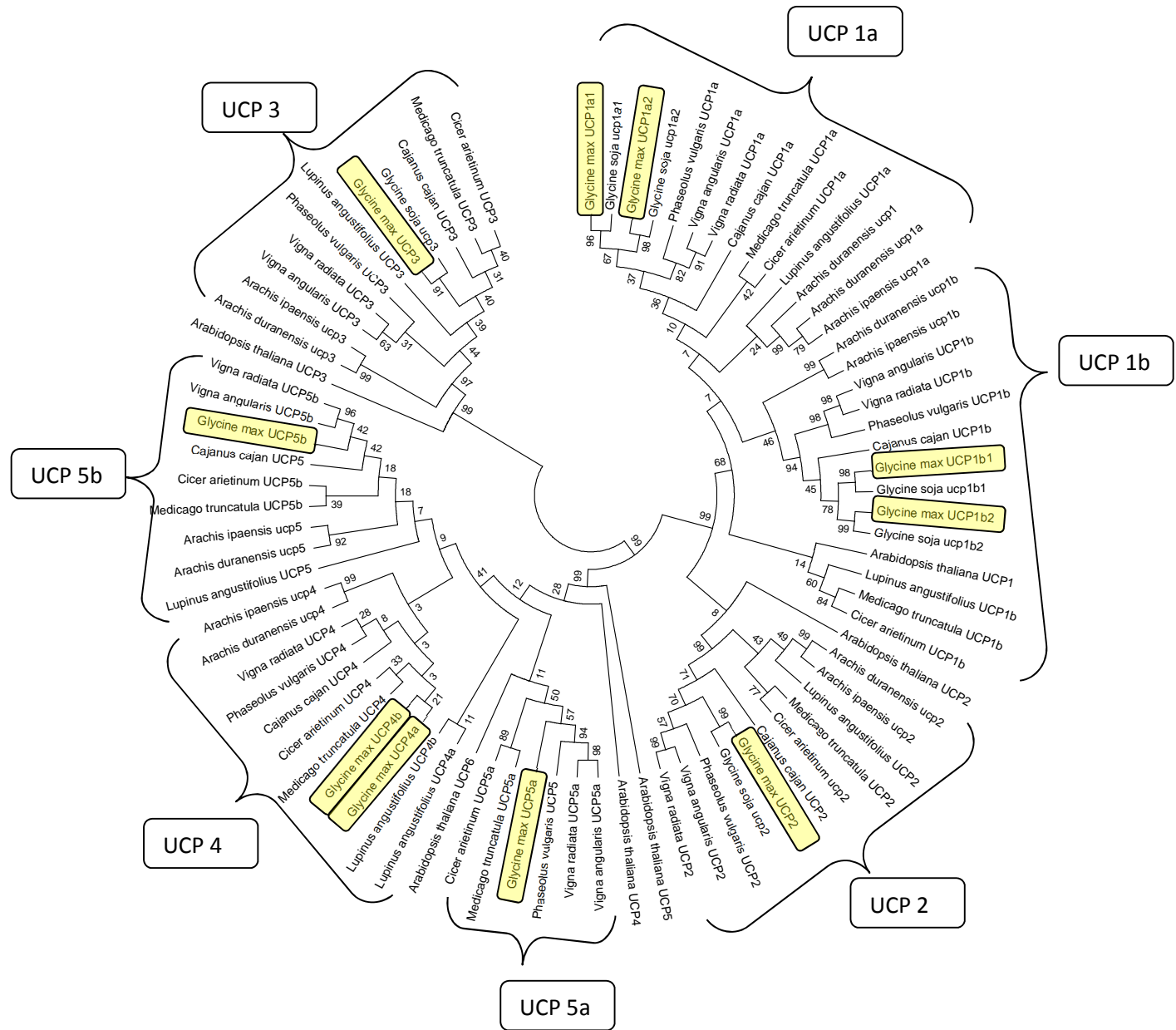
### **5.5 Análises das relações filogenéticas entre as UCPS de leguminosas**

A análise filogenética demonstrou que os genes membros da família multigênica das UCPS das espécies leguminosas (família fabaceae) analisadas estão divididos em quatro clados de genes órtologos (Figura 12). O primeiro clado das UCPS do tipo 1, subdividindo-se em dois ramos (UCP1a e 1b), o segundo das UCPS do tipo 2, o terceiro das UCPS dos tipos 4, 5 e 6 e o quarto ramo das UCPS do tipo 3.

A divisão dos clados foi realizada levando em consideração os valores de bootstrap obtidos na divisão dos ramos da árvore filogenética. Os quatro clados obtiveram valor de 99%, indicando que em 1000 replicatas, em 99% delas seriam formadas aquela ramificação.

Após as análises filogenéticas foi proposta uma classificação para os genes analisados. Nenhuma UCP do tipo 6 foi localizada dentre as leguminosas. As UCPs de *Glycine max* estão marcadas em caixas amarelas.

Figura 12 – Árvore filogenética das pUCPs em leguminosas



Fonte: Produção do próprio autor

Árvore filogenética não enraizada para pUCPs de leguminosas obtida pelo programa MEGA5.2. As sequências foram alinhadas utilizando o programa CLUSTALX e a topologia da árvore e distância evolucionária foram estimadas usando o método neighbor-joining (1000 bootstraps). Chaves indicam a separação de cada subtipo de pUCP. As pUCPs de soja estão marcadas dentro de caixas amarelas.

## 5.6 Splicing alternativo

A análise da sequência genômica de *Glycine max* contra o banco de EST mostrou a possibilidade de um splicing alternativo para a produção do transcrito primário da UCP1b1. Em virtude deste achado, uma análise mais rebuscada foi realizada entre os dois transcritos, cDNAs e proteínas obtidas.

A estrutura do gene *GmUCP1b1* ao realizar o splicing reduz de 9 éxons para 8 éxons (FIGURA 13 e TABELA 21). Tal modificação altera o tamanho do cDNA em 94 pb, 776 pb no transcrito e 682 no tamanho dos íntrons, possuindo identidade de 85,64% entre os dois cDNAs. A região promotora continua sendo a mesma, embora o oitavo éxon tenha se tornado maior na *GmUCP1b1Spl*. Quanto à proteína podemos ver um aumento de 26 resíduos para a proteína codificada pela *GmUCP1b1Spl*, o que produz um aumento do quarto segmento citosólico e modificações a partir do segundo resíduo da quarta assinatura específica da *GmUCP1b1*.

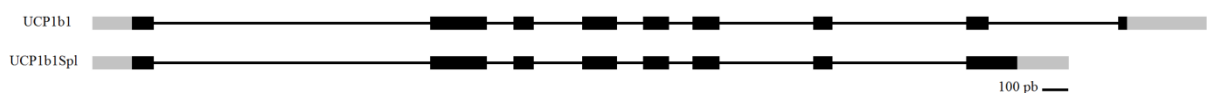
Embora não tenham ocorrido modificações tão relevantes na proteína codificada pelo gene *GmUCP1b1Spl*, novas abordagens devem ser feitas para elucidar o papel biológico do splicing alternativo ocorrido neste gene.

Tabela 21 – Comparação do tamanho dos transcritos, cDNAs e proteínas entre as UCP1b1 e UCP1b1Spl

Espécie	Gene	Nº aa	cDNA	Transcrito primário	Íntrons
<i>Glycine max</i>	UCP1b1	305	1438	4538	3100
	UCP1b1Spl	331	1344	3762	2418

Fonte: Produção do próprio autor

Figura 13 – Representação esquemática dos genes UCP1b1 e UCP1b1Spl



Fonte: Produção do próprio autor

O éxons estão representados em retângulos (região traduzida em preto e UTR em cinza) e os íntrons em linhas contínuas de cor preta.

A ocorrência do splicing alternativo permite que informações específicas de um único gene se modifiquem dependendo de sinais do ambiente, gerando transcritos maduros distintos,

e conferindo assim uma maior plasticidade à expressão gênica (LAREAU *et al.*, 2004; SHARP, 2009).

Este tipo de splicing alternativo ocorrido se caracteriza como uma retenção de íntron (*intron retention*). Kim *et al.* (2007) ainda propõem que, de uma forma geral na evolução dos animais, o intron retention seria o tipo mais raro. Já no caso da angiosperma *Arabidopsis thaliana*, o tipo de splicing com frequência mais alta seria o intron retention, que, curiosamente, também é a forma mais comum de splicing alternativo em eucariotos unicelulares.

Modrek e Lee (2003) propuseram uma hipótese para a importância do splicing alternativo na evolução: o mecanismo aumentaria a taxa de mudanças evolutivas em exons específicos. Pois o éxon pertencente ao splicing estaria sujeito a possíveis mutações enquanto o éxon “principal” ainda continuaria ativo, possibilitando uma variabilidade maior.

### 5.7 Oligonucleotídeos iniciadores e temperatura de anelamento

Os primers desenhados (TABELA 22) variaram em comprimento de 17 a 24 pb, com temperatura de anelamento entre 55,5 a 65,4 °C e tamanho do fragmento a ser amplificado entre 74 a 435 bp. Os primers desenhados são mostrados na Tabela 22. Nesta mesma tabela também são mostrados os genes MTP, EF1 $\beta$ , SKIP 16 e UKN1 (HU *et al.*, 2009) e os genes referentes a família multigênica do EF1 $\alpha$  (SARAIVA *et al.*, 2014) que foram usados como genes de referência para verificação da expressão relativa dos genes da família multigênica da UCP durante o desenvolvimento e condições de estresse. O alinhamento múltiplo usado para o desenho dos *primers* pode ser encontrado no apêndice 05.

Tabela 22 – Características dos iniciadores utilizados nas reações de PCR

Gene	Proteína	Sequência do primer (5' → 3')	Temperatura de anelamento (°C)	Amplicon (bp)
UCP1a1	UCP1	Fwd GCAATACATTTCCGATTTCCAG Rev GTTTGAGTCCTTCCCTTCTCT	63.6	97
UCP1a2	UCP1	Fwd TAAGTCCAAATCCGACCTCTCT Rev CCACATAGAAAGTCTTAACAGGG	65.4	309
UCP1b1	UCP1	Fwd CGTCAATGTTTGAATGGTGGT Rev CTTTCACAAGATCAGTTGGATTC	59.4	169
UCP1b1 Spl	UCP1	Fwd TGAGACAGGAAGGAGTTGGA Rev GAGATAGGTGATAAGAAGGAAAGG	61.6	435
UCP1b2	UCP1	Fwd GTGGCAATTCCAAATCCGAT	59.4	181

		Rev GTTCCCAGCAAACCCCTATATC		
UCP2	UCP2	Fwd AAGAAGGTAGGGATTGATGATGG Rev CTCTAGCAATGGTCTTAACTGTG	63.6	79
UCP3	UCP3	Fwd TCGTGCTGAAGGATTTCAAGGA Rev CGTTGCCGCTAAACCTGAC	63.6	187
UCP4a	UCP4	Fwd GTACGACCAGTTCAAAGAAAC Rev CCTCATGTTCATCACCCCTC	61.6	151
UCP4b	UCP4	Fwd TCCCATTAGTTACCTCTTTCCTG Rev GAAGCGATGCCTCCTTCA	55.5	100
UCP5a	UCP5	Fwd TCCCACTCCAATGCCTCC Rev GTCCCTCCGACTGAACGAT	57.3	74
UCP5b	UCP5	Fwd TAGTCCAACAAGAAGGCGTG Rev CGTAGAGTCCCATGCGA	61.6	96
EF1 $\beta$ <sup>a</sup>	Fator de elongação 1 $\beta$	Fwd CCACTGCTGAAGAAGATGATGATG Rev AAGGACAGAAGACTTGCCACTC	63.6	134
UKN1 <sup>a</sup>	Proteína hipotética	Fwd TGGTGCTGCCGCTATTTACTG Rev GGTGGAAGGAACTGCTAACAATC	63.6	74
SKIP 16 <sup>a</sup>	SKP1/Ask- Interacting Protein 16	Fwd CCACTGCTGAAGAAGATGATGATG Rev AAGGACAGAAGACTTGCCACTC	50.7	60
MTP <sup>a</sup>	Metalloprotease, Insulin degrading enzyme	Fwd CGCTCCAAGTGCTCCTCATTAG Rev TGAAGTAACCGACCCAACG	63.6	71
EF1 $\alpha$ 1a1 <sup>a</sup>	Fator de elongação 1 $\alpha$	Fwd GATTTTCATGTAGCCGTAGCC Rev ATTTAAGACATCCCTCCTCAG	59.8	182
EF1 $\alpha$ 1a2 <sup>a</sup>	Fator de elongação 1 $\alpha$	Fwd ATCATCGTGGTTACTCCTTTAT Rev TCAGACTCTTCTTACCATCA	59.8	199
EF1 $\alpha$ 1b <sup>a</sup>	Fator de elongação 1 $\alpha$	Fwd ATGCGATCATAGTTACATTTATAG Rev AGTTCTCATAAGCTTATAAAATAG	63.6	198
EF1 $\alpha$ 2a <sup>a</sup>	Fator de elongação 1 $\alpha$	Fwd GGATGTCGTTTCTTATGGT Rev CAAACACAACACATTAACACAG	57.5	189
EF1 $\alpha$ 2b <sup>a</sup>	Fator de elongação 1 $\alpha$	Fwd TTTCTGTACTCTTGTGTCTTCT Rev ACAACACAACACATTAACAC	57.5	159
EF1 $\alpha$ 3 <sup>a</sup>	Fator de elongação 1 $\alpha$	Fwd TGTAGGGAAGCTTGTATCA Rev ACTATGCAGCTTATTGTTCT	63.6	140

Fonte: Produção do próprio autor

<sup>a</sup>As sequências de primers dos genes EF1 $\beta$ , SKIP16, MTP e UKN1 foram obtidas de Hu et al. (2009), enquanto que as dos genes EF1 $\alpha$  foram obtidas de Saraiva *et al.* (2014).

## 5.8 Qualidade do RNA total

O RNA total foi extraído de vários tecidos (flores, sementes, vagens, cotilédones, folhas unifolioladas, folhas trifolioladas, raízes, hipocótilos e epicótilos) em diferentes estádios de desenvolvimento. O RNA total também foi isolado de folhas e raízes de plantas com treze dias após a semeadura em duas condições de estresse (AS e PEG).

A quantificação em espectrofotômetro mostrou que as relações 260/280 e 260/230 ficaram entre 2 e 2,03 e 1,0 e 2,29, respectivamente. Com base nas relações 260/280 e 260/230, a qualidade do RNA extraído foi considerada boa. A média de concentração do RNA total foi de 136,9 e 1149  $\eta\text{g}/\mu\text{L}$ . (TABELA 23).

Em relação à integridade, os perfis observados no gel de agarose demonstram a integridade dos RNAs analisados, já que foram visualizadas as bandas do RNA ribossomal referentes às subunidades 18S e 28S (FIGURA 14).

### **5.9 Qualidade do cDNA obtido pela reação de transcrição reversa**

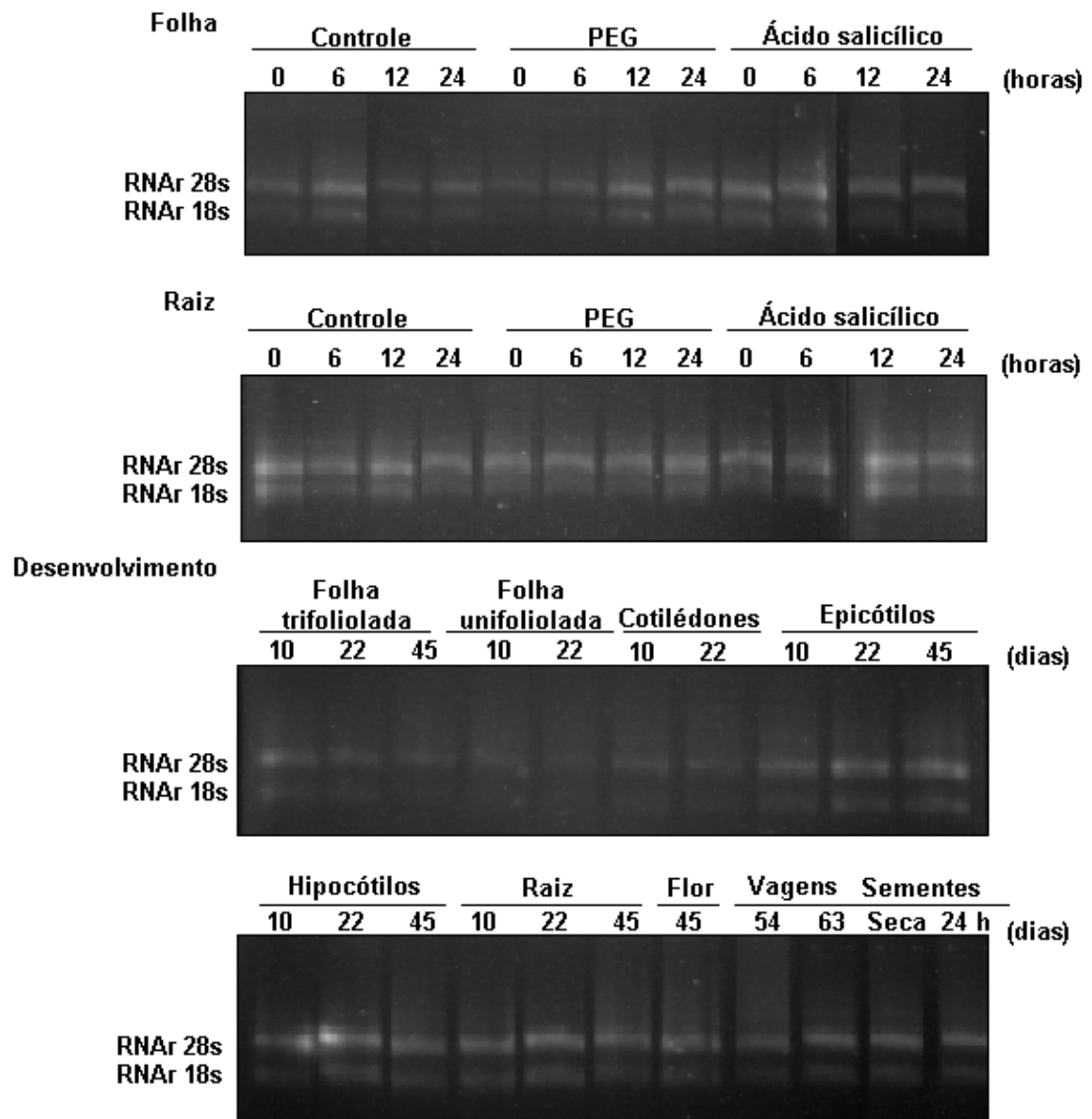
A qualidade do cDNA produzido via transcrição reversa foi verificada através da PCR, usando todas as amostras de cDNA produzido. A banda referente ao *amplicon* do gene *EF1 $\alpha$* , usado para as reações, foi evidenciada nas diferentes amostras analisadas, demonstrando boa qualidade do cDNA produzido (FIGURA 15).

### **5.10 Especificidade dos primers**

Neste estudo, 10 genes referentes a família multigênica da UCP (UCP1a1, UCP1a2, UCP1b1, UCP1b2, UCP2, UCP3, UCP4a, UCP4b, UCP5a e UCP5b), assim como o splicing alternativo no gene *UCP1b1* (*UCP1b1Spl*) tiveram sua expressão avaliada por RT-qPCR em vários tecidos durante o desenvolvimento e em condições de estresse (PEG e AS). A especificidade dos onze pares de *primers* da UCP foram avaliadas por RT-qPCR.

As análises das curvas de dissociação mostraram a presença de um único pico, evidenciando, desta forma, que um único produto foi amplificado e que não houve formação de dímeros de *primers* (Figura 16). A especificidade também foi confirmada através de eletroforese em gel de agarose 2%, onde se observou a presença de um único fragmento com o tamanho do amplicon esperado para todos os genes testados.

Figura 14 – Eletroforese em gel de agarose do RNA total

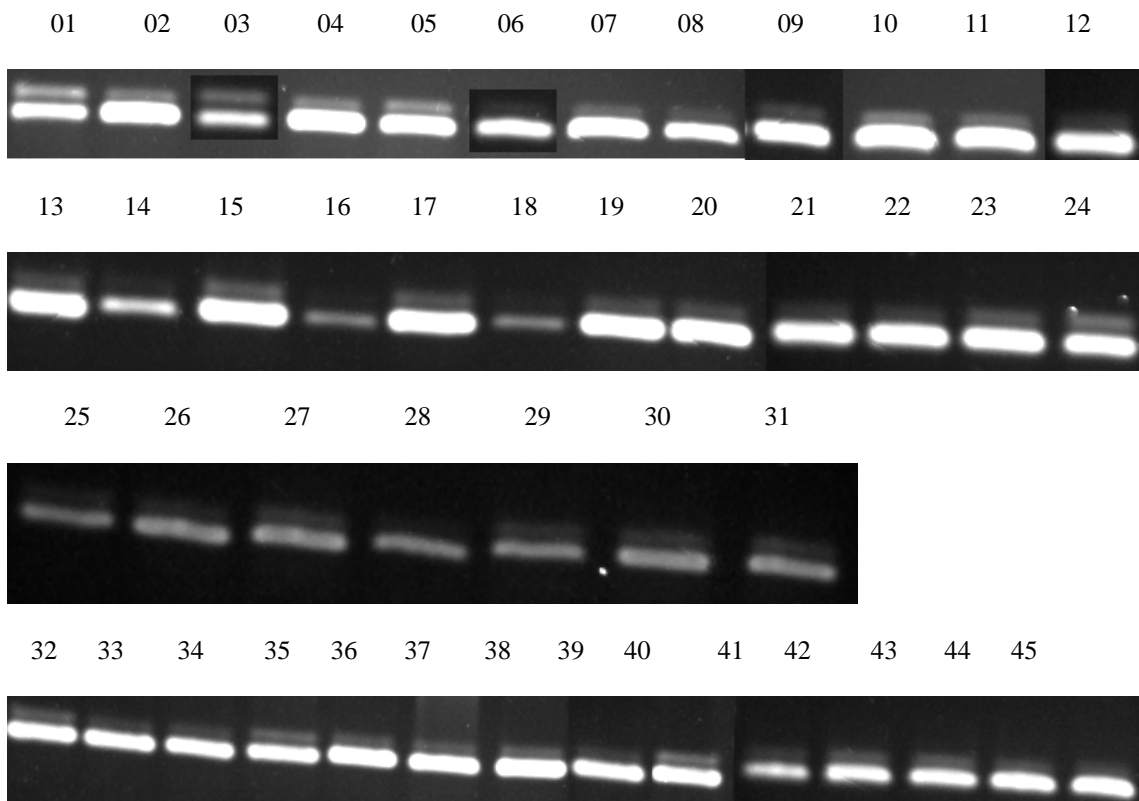


Fonte: Produção do próprio autor

Análise da integridade do RNA extraído em gel de agarose (1,5%), evidenciando as bandas do RNA ribossomal 18S e 28S. A definição das amostras está mostrada no gel.



Figura 15 – Produto da PCR



Fonte: Produção do próprio autor

Eletroforese em gel de agarose (2%) dos produtos de amplificação do gene do *fator de alongação 1 alfa 1a (EF1a 1a)* para avaliação da qualidade do cDNA produzido na PCR. Raias 01-12: folhas de soja de plantas controle e tratadas com polietileno glicol (PEG 100g/L) e ácido salicílico (AS 0,5mM); Raias 13-24: raízes de plantas controle e tratadas com polietileno glicol (PEG 100g/L) e ácido salicílico (AS 0,5mM); Raias 25-45: amostras de vários tecidos (Semente seca, semente embebida na solução nutritiva de Hoagland por 24 horas, raiz, folha unifoliolada, folha trifoliolada, cotilédones, hipocótilo, epicótilo, flores e vagens) da planta em vários estágios de desenvolvimento, compreendendo estágios vegetativos (10 e 22 dias após a germinação – DAG) e reprodutivos 45 DAG (início da floração), 54 DAG (nove dias após o início da floração) e 63 DAG (dezoito dias após o início da floração).

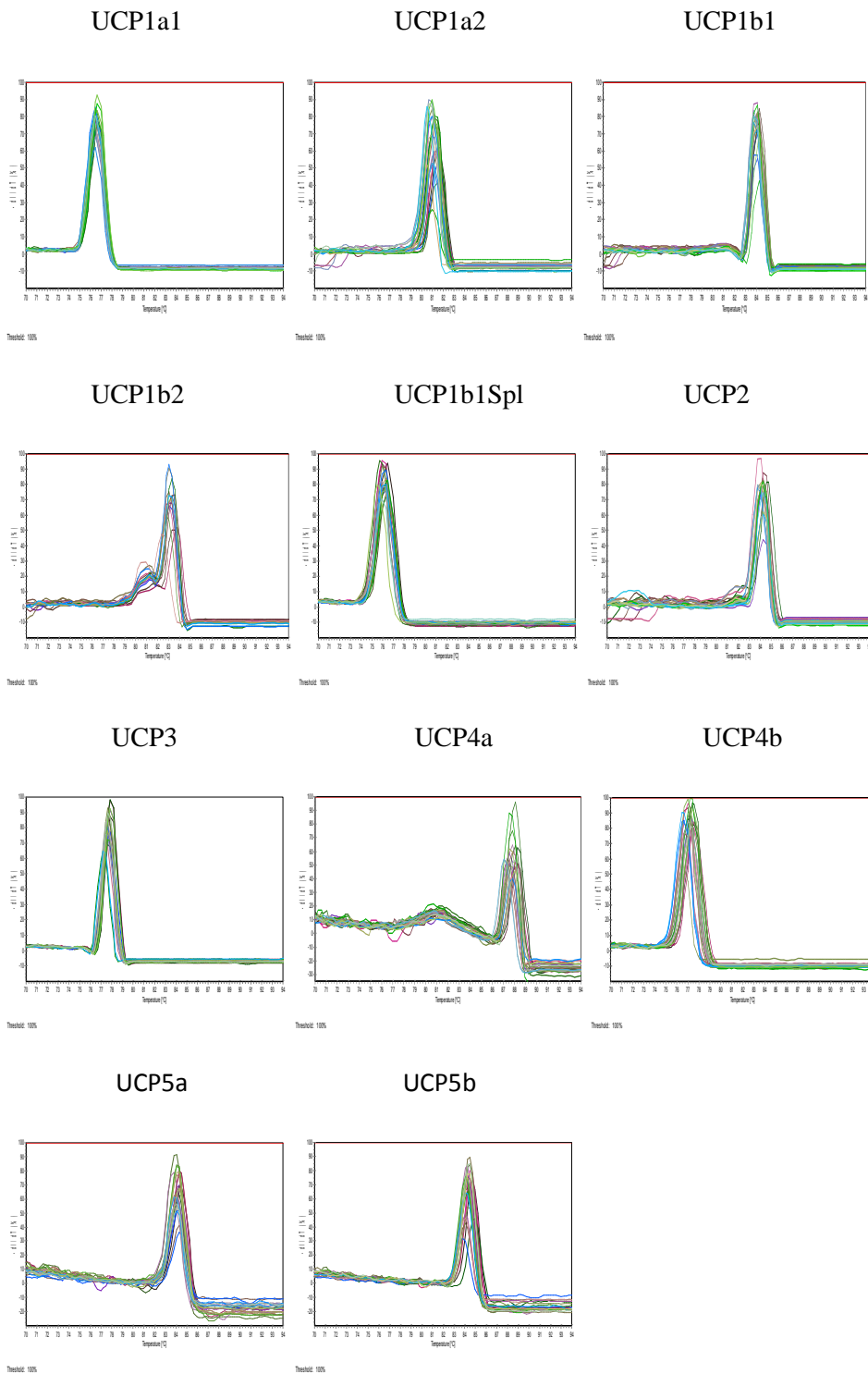
Tabela 23 – Valores médios das concentrações e relações de absorvâncias dos RNAs

<b>Tratamentos</b>	<b>Média das concentrações (ng/μL)</b>	<b>Relação 260/280</b>	<b>Relação 260/230</b>
Controle 0h ft	313,8	2,13	1,49
Controle 6h ft	523	2,11	2,0
Controle 12h ft	361	2,0	1,5
Controle 24h ft	462,3	2,15	2,1
Controle 0h raiz	346,7	2,0	1,62
Controle 6h raiz	587	2,09	2,21
Controle 12h raiz	407,2	2,13	1,65
Controle 24h raiz	592,7	2,04	1,42
PEG 0h ft	426,2	2,1	1,51
PEG 6h ft	569,1	2,12	2,29
PEG 12h ft	589,1	2,09	2,0
PEG 24h ft	551,9	2,13	1,80
PEG 0h raiz	559	2,11	1,23
PEG 6h raiz	369,6	2,12	1,75
PEG 12h raiz	363,1	2,1	2,07
PEG 24h raiz	248,2	2,11	2,05
AS 0h ft	620,2	2,10	2
AS 6h ft	371,9	2,10	1,7
AS 12h ft	381,5	2,13	2,24
AS 24h ft	341,26	2,12	1,39
AS 0h raiz	449,7	2,12	1,5
AS 6h raiz	610,2	2,08	2,17
AS 12h raiz	682,26	2,11	2,16
AS 24h raiz	417,2	2,12	1,7
Flores	420,4	2,11	1,53

Vagens 9 dias	1149,7	2,15	2,04
Vagens 18 dias	758,0	2,12	2,21
Semente seca	592,4	2,11	2,3
Semente embebida 24 h	238,0	2,15	2,07
Cotilédones 10 dias	841,1	2,14	2,31
Cotilédones 22 dias	136,9	2,11	1,52
Folha trifoliolada 10 dias	783,65	2,1	2,3
Folha trifoliolada 22 dias	545	2,09	2,26
Folha trifoliolada 45 dias	246,5	2,13	2,13
Folha unifoliolada 10 dias	591,95	2,10	1,8
Folha unifoliolada 22 dias	370,2	2,14	2,06
Raiz 10 dias	788,4	2,12	1,88
Raiz 22 dias	529,6	2,11	1,76
Raiz 45 dias	330,7	2,12	1,45
Hipocótilo 10 dias	260,5	2,11	1,9
Hipocótilo 22 dias	159,9	2,14	1,54
Hipocótilo 45 dias	409,4	2,13	1,96
Epicótilo 10 dias	817,7	2,13	1,43
Epicótilo 22 dias	382,3	2,13	1
Epicótilo 45 dias	578,3	2,11	1,78

Fonte: Produção do próprio autor

Figura 16 – Curvas de dissociação



Fonte: Produção do próprio autor  
 Curvas de dissociação obtidas por RT-qPCR usando *primers* específicos das UCPs.

### 5.11 Perfil de expressão da família multigênica da UCP em *Glycine max*

Para as análises de expressão gênica através de qPCR os genes *MTP*, *UKN1*, *EF1 $\beta$*  e *SKIP 16*, validados em estudos prévios (HU *et al.*, 2009) e os genes *EF1 $\alpha$*  (*1a1*, *1a2*, *1b*, *2a*, *2b* e *3*) provenientes do trabalho de Saraiva *et al.* (2014) foram utilizados como controles internos para normalizar as possíveis diferenças nas concentrações iniciais de transcritos.

Os genes alvos e constitutivos foram inicialmente avaliados no programa realplex para a obtenção da média dos valores de Ct dos mesmos. Os valores de Ct obtidos foram convertidos para um arquivo no formato qbase para serem avaliados a média de estabilidade de expressão gênica pelo programa Genorm para a identificação de quantos e quais genes normalizadores foram necessários para cada tecido (TABELA 24). Este programa recomenda a utilização de um valor M abaixo do limite de 1,5 identificando (conjuntos de) genes de referência com expressão estável. Após a identificação dos genes normalizadores para cada condição os genes alvos foram avaliados pelo programa qbasePLUS.

Tabela 24 – Genes normalizadores necessários para cada condição

Tecido	Genes
Flores e vagens	EF1 $\alpha$ 2a e UKN1
Sementes	EF1 $\beta$ e MTP
Cotilédones	EF1 $\alpha$ 2a e SKIP16
Folhas unifolioladas	EF1 $\alpha$ 1a1, EF1 $\alpha$ 1a2, EF1 $\alpha$ 1b, EF1 $\alpha$ 2a e EF1 $\alpha$ 3
Folhas trifolioladas	EF1 $\alpha$ 2a, EF1 $\alpha$ 2b, EF1 $\beta$ , SKIP16 e UKN1
Raízes	EF1 $\alpha$ 1a2 e EF1 $\alpha$ 2b
Hipocótilos	EF1 $\alpha$ 1a1, EF1 $\alpha$ 1a2 e EF1 $\alpha$ 2b
Epicótilos	EF1 $\alpha$ 1a1 e EF1 $\alpha$ 1b
PEG folhas	EF1 $\alpha$ 2a, EF1 $\alpha$ 2b e MTP
AS folhas	EF1 $\alpha$ 2a, EF1 $\alpha$ 2b e SKIP16
PEG raízes	EF1 $\beta$ , MTP e UKN1/
AS raízes	MTP e UKN1

Fonte: Produção do próprio autor

### 5.11.1 Desenvolvimento

A análise de expressão gênica durante o desenvolvimento mostrou que com exceção do gene *GmUCP5b* em epicótilo, todos os genes da família multigênica da UCP foram expressos nos diferentes tecidos durante o desenvolvimento da soja (GRÁFICO 1).

Durante o desenvolvimento de cotilédones, folhas, raízes, hipocótilos e epicótilos, os genes *GmUCP* apresentaram padrões similares entre si para as análises feitas no mesmo conjunto de tecidos, além de apresentarem alguns padrões mais elevados de expressão em alguns tempos específicos analisados (GRÁFICO 1b-f).

Em cotilédones e folhas unifolioladas podemos ver um padrão semelhante de crescimento da expressão de 10 para 22 dias em ambos tecidos nos genes *GmUCP1a1*, *1a2*, *3*, *4a*, *4b*, *5a* e *5b*, embora o gene *5b* não tenha apresentado expressão em fu 22 dias. Vale salientar o elevado nível de expressão obtido para o gene *UCP4b* e *5a* em fu 22 dias e *5a* em cotilédones 22 dias. Já os genes *GmUCP1b1*, *1b1Spl*, *1b2* e *2*, apresentaram um padrão mais estável de expressão variando pouco de 10 para 22 dias em ambos tecidos, embora o genes *UCP1b1* e *1b2* tenham apresentado ausência de expressão em fu 10 dias (GRÁFICO 1b).

Em folhas trifolioladas os genes *GmUCP 1a1*, *1a2*, *1b1*, *1b1Spl*, *1b2* e *4a* apresentaram um crescimento constante nos diferentes dias analisados, enquanto que os genes *GmUCP2*, *4b*, *5a* e *5b* apresentaram uma queda na expressão de 22 para 45 dias. Já o gene *GmUCP3* apresentou um perfil de expressão mais estável, sofrendo leves alterações durante o desenvolvimento do tecido (GRÁFICO 1c).

Em raízes os genes *GmUCP1b1*, *1b2*, *2*, *3* e *4a* apresentaram aumento e queda de expressão simultâneos durante os tempos analisados, enquanto que os genes *GmUCP1a1*, *5a* e *5b* apresentaram uma leve queda de 22 para 45 dias, diferente de *GmUCP1b1Spl* e *4b* que apresentaram um aumento de expressão. Também podemos notar um alto nível de expressão no gene *GmUCP4a* e *4b* em raiz 22 dias e 45 dias, respectivamente (GRÁFICO 1d).

Em hipocótilos, excetuando o gene *GmUCP1a2* que apresentou queda de expressão durante o desenvolvimento e o gene *GmUCP1b1Spl* que apresentou queda e leve aumento de expressão em 45 dias, todos os outros genes apresentaram um aumento em 22 dias e uma queda aos 45 dias, salientando os altos níveis de expressão dos genes *GmUCP2*, *4a* e *5a* sempre em hipocótilo 22 dias (GRÁFICO 1e).

Em epicótilos foi predominante dois padrões de expressão, o de aumento e queda dos genes *GmUCP1a2*, *1b1Spl*, *1b2*, *2* e *4a* e o padrão de leve queda seguida de forte aumento nos

níveis de expressão dos genes *GmUCP1a1*, *1b1*, *4b* e *5a*, destacando-se os altos níveis de expressão dos genes *GmUCP2* e *4a* em epicótilo 22, e *GmUCP1a1*, *1b1* e *5a* em 45 dias. O gene *GmUCP3* apresentou uma expressão estável enquanto que o gene *UCP5b* não apresentou expressão em nenhum tempo analisado (GRÁFICO 1f).

Durante o ciclo reprodutivo (GRÁFICO 1a), a análise de expressão em flores, vagens (9 e 18 dias) e na germinação das sementes (seca e embebida) também revelaram padrões semelhantes entre si. Em flores, com exceção do gene *GmUCP5b* que apresentou alto nível de expressão, todos os genes restantes apresentaram expressão similar. Em vagem, os genes *GmUCP1a2*, *1b1*, *2* e *5a* tiveram níveis de expressão semelhantes, enquanto todos os outros genes apresentaram uma queda na expressão, destacando-se o elevado nível de expressão do gene *GmUCP3* em vagens 9 dias. Para sementes, enquanto que o gene *GmUCP2* manteve sua expressão estável, todos os genes apresentaram aumento de expressão em sementes embebidas, exceto *GmUCP5a* que apresentou uma queda.

Um resumo dos genes mais expressos durante o desenvolvimento da soja pode ser visualizado na tabela 25.

Quando analisada a presença dos genes *SsUCP1-5* em cana de açúcar em *pools* de bibliotecas de ESTs em vários tecidos da planta foi possível encontrar o gene *SsUCP1* apenas em flores, *SsUCP2* em flores, caules, meristemas e raízes, *SsUCP3* apenas em caule, *SsUCP4* e *SsUCP5* em meristemas, folhas, raízes, semente e caule. Análises extras utilizando RNA gel-blot (Northern Blot) para os genes *SsUCP2* e *4* mostraram que *SsUCP2* foi preferencialmente expressa em raízes e somente vestígios de transcritos foram encontrados em flores, folhas e caules, enquanto que *SsUCP4* indicou um alto nível de expressão em tecidos não reprodutores, especialmente em folhas e raízes (BORECKÝ *et al.*, 2006).

Para os genes *AtUCP1-6* em arábida, com exceção do gene *AtUCP6* que não foi encontrado em nenhum tecido/órgão, sugerindo que ele seja um pseudogene ou expresso em baixos níveis, transcritos de todas *AtUCP* foram encontrados em raízes, porém nenhuma foi encontrada em flores. *AtUCP1* foi encontrada em vários tecidos (parte aérea, raízes, sílicas verdes e sementes) em acordo com os achados de Maia *et al.* (1998). *AtUCP2* foi detectado em raízes e sílica verde, enquanto que a expressão de *AtUCP3* só foi encontrada em raízes. *AtUCP4* mostrou altos níveis de expressão em raízes e sementes, enquanto que *AtUCP5* se expressou predominantemente em parte aérea e raízes, e menos em sílica verde. Análises extras de RT-PCR realizadas para os genes *AtUCP4-5* mostraram que estes genes se expressaram ubiquamente em altos níveis de expressão em folhas, flores e raízes.

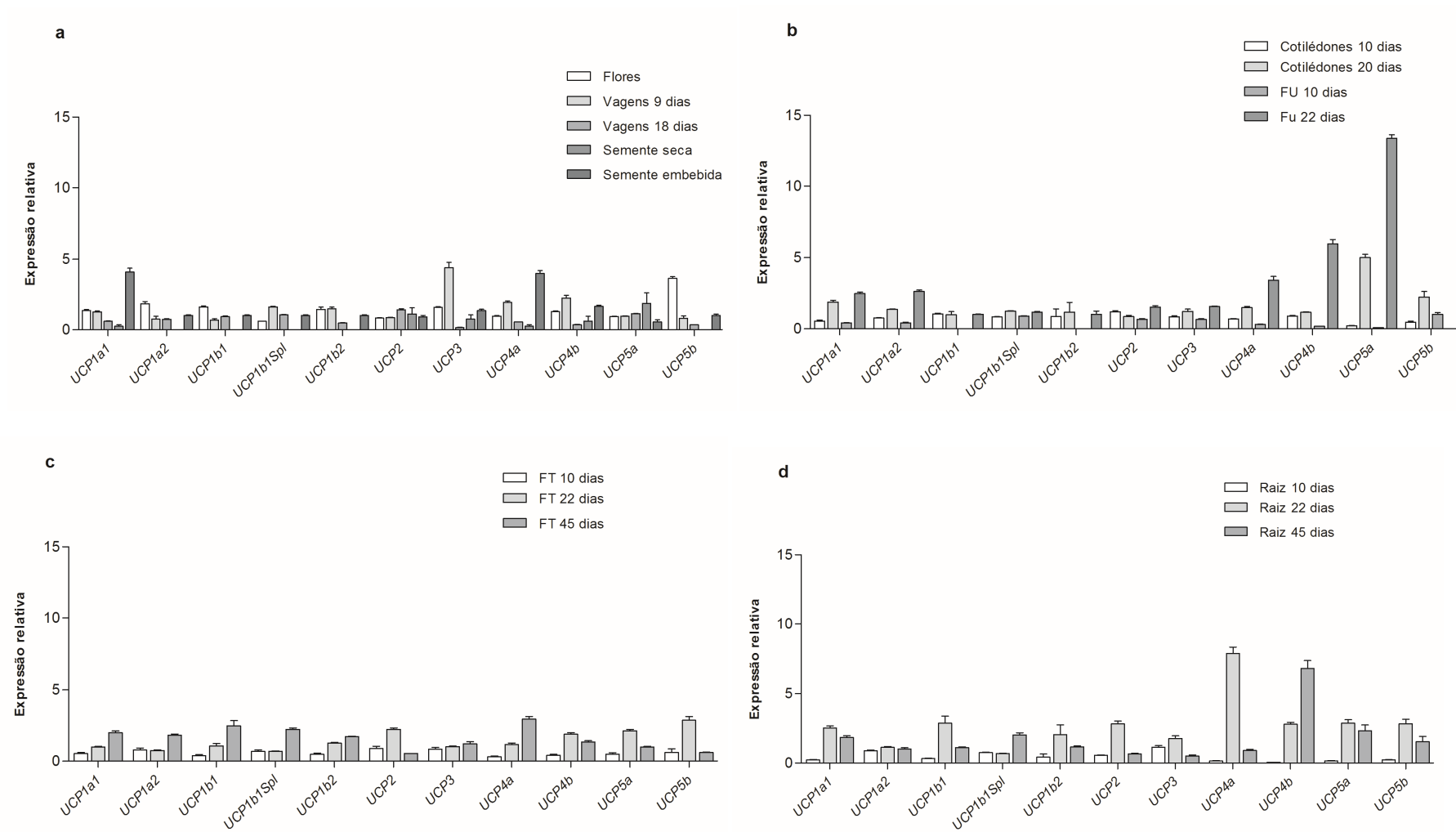
Tabela 25 – Genes mais expressos durante o desenvolvimento da soja

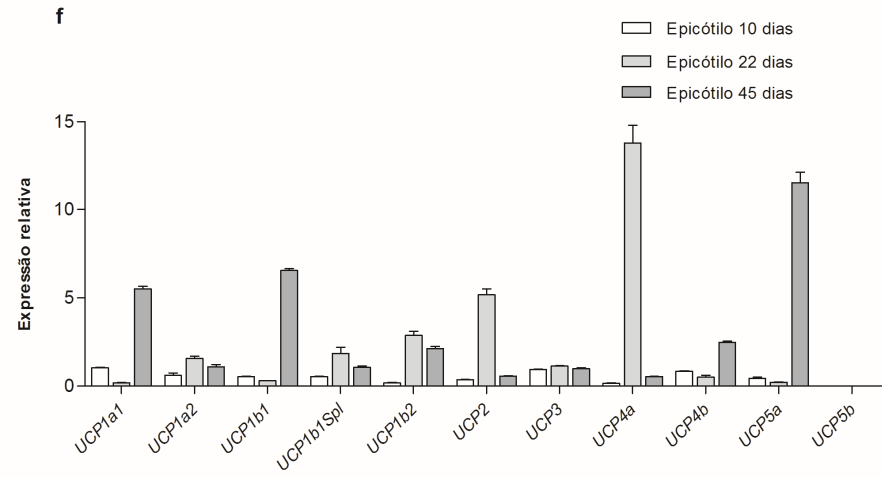
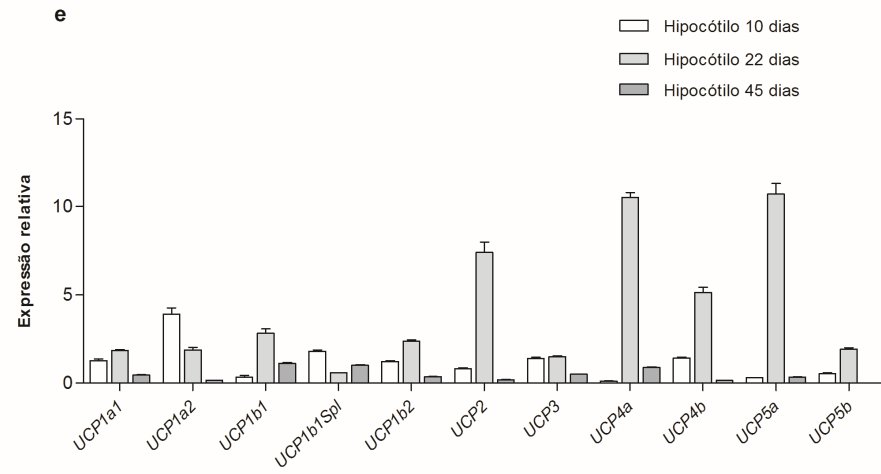
<b>Órgão/tempo</b>	<b>Gene</b>
Cotilédones 10 dias	-----
Cotilédones 22 dias	GmUCP5a
FU 10 dias	-----
FU 22 dias	GmUCP4b GmUCP5a
FT 10 dias	-----
FT 22 dias	-----
FT 45 dias	-----
Raiz 10 dias	-----
Raiz 22 dias	GmUCP4a
Raiz 45 dias	GmUCP4b
Hipocótilos 10 dias	-----
Hipocótilos 22 dias	GmUCP2 GmUCP4a GmUCP5a
Hipocótilos 45 dias	-----
Epicótilos 10 dias	-----
Epicótilos 22 dias	GmUCP2 GmUCP 4a
Epicótilos 45 dias	GmUCP1a1 GmUCP1b1 GmUCP5a
Flores	GmUCP5b
Vagens 9 dias	GmUCP3
Vagens 18 dias	-----
Semente seca	GmUCP5a
Semente embebida	GmUCP1a1 GmUCP4a

Fonte: Produção do próprio autor



Gráfico 1 – Perfil de expressão das GmUCPs durante o desenvolvimento da soja





As diferenças encontradas usadas nas duas técnicas provavelmente estão relacionadas com os diferentes estágios de desenvolvimento dos tecidos utilizados (BORECKÝ *et al.*, 2006).

Os altos níveis de expressão de *GmUCP4* em folhas unifolioladas, raízes e hipocótilos, *GmUCP1* e *2* em epicótilos e *GmUCP5* em folhas unifolioladas, hipocótilos, epicótilos e flores estão parcialmente de acordo com os resultados de expressão encontrados por Borecký *et al.* (2006) nas duas espécies estudadas, embora estes resultados mostrem várias diferenças quando comparados com este trabalho. Porém o fato da utilização de diferentes espécies e técnicas utilizadas deve ser levado em consideração.

Assim como os achados apresentados neste trabalho, os resultados das análises *in silico* e experimentais de Borecký *et al.* (2006) em cana de açúcar e arábido, sugerem que os genes *pUCP4* e *5* foram os mais expressos durante os estágios de desenvolvimentos dos diversos órgãos analisados.

A existência de múltiplos membros da família da UCP sugere que estes genes podem estar sob controle de fatores celulares, teciduais, ou de uma maneira específica para cada órgão. No entanto, precauções devem ser tomadas quando interpreta-se as respostas fisiológicas e metabólicas baseando-se apenas nos perfis transcricionais (Borecký *et al.*, 2006).

Outro trabalho mais recente realizado por Nogueira, Sasaki e Maia (2011), utilizou o banco de dados Genevestigator ([www.genevestigator.com](http://www.genevestigator.com)) e Bio-Array Resource for Plant Funcional genomes (BAR; Winter *et al.*, 2007) para avaliar a expressão dos genes *AtUCP1-3* durante os estágios de desenvolvimento de arábido. Uma análise do desenvolvimento da semente mostrou claramente que as pUCPs são menos expressas nos estágios finais do desenvolvimento da semente. Todas as três *AtUCPs* mostraram ser expressas em baixos níveis durante os estágios finais (NOGUEIRA; SASSAKI; MAIA, 2011). A redução do número de transcritos durante estes estágios provavelmente está associada a uma mudança nos níveis de RNA resultante de uma paralização dos processos transcricionais quando a semente entra em dormência (WALLING *et al.*, 1986). Estes resultados da análise de sementes próximas ao estado de dormência corroboram com os baixos níveis de expressão encontradas em todas as *GmUCPs* analisadas, com exceção do gene *GmUCP5a*.

Durante análises da germinação das sementes de Arábido os genes *AtUCP2* e *AtUCP3* foram pouco expressos tanto em sementes secas e embebidas, enquanto que o gene *AtUCP1* sofreu um aumento gradativo de sua expressão atingindo seu pico após 12 horas de embebição em água e mantendo este nível de expressão em 24 horas (NOGUEIRA; SASSAKI;

MAIA, 2011). Mitocôndrias maduras, com a formação da membrana interna e da crista, foram detectadas somente após 12-24 horas de embebição da semente (HOWELL *et al.* 2006).

Tem sido demonstrado que as reações não enzimáticas são susceptíveis de ocorrer em sementes secas e embebidas, incluindo a produção de EROs. Neste contexto, EROs podem ser produzidos para libertar a semente da dormência através da carbonilação de proteínas específicas do embrião (ORACZ *et al.* 2007).

No entanto, após a liberação da dormência, a contínua produção de EROs pode ser prejudicial para a germinação da semente. O aumento da expressão dos genes *AtUCP1* e *AtAOX* sugere que ambas proteínas desempenham um papel de atenuadores dos efeitos das EROS no metabolismo celular durante o começo da embebição (NOGUEIRA; SASSAKI; MAIA, 2011).

Dados não publicados de sementes transgênicas de plantas de tabaco, com o gene *AtUCP1* sendo super expresso constitutivamente, germinaram mais rápido que o tipo selvagem, sugerindo que a produção de EROs produzida durante a germinação pode ser atenuada pela super expressão de uma pUCP (NOGUEIRA; SASSAKI; MAIA, 2011).

Dados obtidos do Genevestigator também revelaram que os genes *AtUCP1-3* investigados são co-expressos em vários órgãos/tecidos, mas com expressão distinta durante nove estágios diferentes do desenvolvimento de aradidopsis (NOGUEIRA; SASSAKI; MAIA, 2011).

*AtUCP1* foi expressa nos maiores níveis detectados em sementes germinadas (1-6 dias após germinação- DAG) e nos níveis de expressão mais baixos em sílicas maduras (45-50 DAG). Após os estágios de germinação, os níveis de transcritos de *AtUCP1* diminuíram nas plântulas (6-14 DAG) até a abertura dos botões de flores (29-36 DAG). Outra queda na expressão do gene *AtUCP1* também foi observada durante a transição de flor/ sílica (36-45 DAG) para o estágio de sílica madura (45-50 DAG). *AtUCP2* e *AtUCP3* foram expressas em baixos níveis durante todos os estágios de desenvolvimento e ambos foram menos expressos durante estágios florais jovens (25-29 DAG). Os níveis mais altos de expressão de *AtUCP2* foram observados em plântulas recém germinadas e no estágio flor/sílica (36-45 DAG), enquanto que o menor nível de expressão foi observado em sílicas maduras (45-50 DAG). O nível mais alto de expressão de *AtUCP3* foi detectado durante a formação dos botões florais (21-25 DAG) (NOGUEIRA; SASSAKI; MAIA, 2011).

Vale ressaltar que além de sementes germinadas, dois outros órgãos (pólen maduro e estames) também mostraram aumento nos níveis de expressão de *AtUCP1*. A respeito das

sementes germinadas, transcritos de *AtUCP2* foram encontrados altamente concentrados no segundo entrenó e em estágios de sílica (SCHIMD *et al.*, 2005).

Embora tenham atingido diferentes níveis de expressão, a sobreposição da expressão gênica de *AtUCP1-3* ao longo dos diversos estágios de desenvolvimento de arabis analisados podem ser indicativos de uma ação combinatória destas proteínas na mitocôndria, porém se estas proteínas atuam de forma redundante ainda é algo indeterminado. Os dados acima mencionados, também apontam para a existência de modulação específica da expressão dos genes de *AtUCP*, especialmente para *AtUCP1*. Neste último caso, uma expressão espaço/temporal do gene *AtUCP1* sugere funções fisiológicas relevantes em certos estágios de desenvolvimento, como a germinação da semente e após a germinação (NOGUEIRA; SASSAKI; MAIA, 2011).

### 5.11.2 Estresse

A análise de expressão gênica relativa durante os estresses com PEG e ácido salicílico mostrou que todos os genes da família multigênica da UCP foram expressos em folhas e raízes durante a submissão de estresse nos tempos analisados.

Os genes foram então analisados quanto ao perfil de expressão em resposta aos estresses submetidos (positiva- aumento da expressão, ou negativa- redução da expressão) (TABELA 26).

Em folha, os genes *GmUCP2* e *GmUCP3* mostraram um perfil de expressão estável durante os tempos analisados, enquanto em raiz os genes *GmUCP1b2* e *GmUCP2* mostraram esse perfil (GRÁFICO 2e e 2f; GRÁFICO 3d e 3e).

Em folhas, nenhum gene teve aumento da expressão pelo estímulo do PEG, porém os genes *GmUCP1a1*, *GmUCP4a*, *GmUCP4b* mostraram uma queda no perfil de expressão quando submetidas a este estresse. Em raízes houve genes responsivos tanto com resposta positiva (*Gm1b1*, *4a* e *5b*), quanto para respostas negativas (*1a2* e *4b*) para a presença de PEG.

Para o estímulo de estresse com ácido salicílico, em folhas, apenas um gene teve resposta positiva (*GmUCp1a1*), enquanto os genes *GmUCP1b1*, *GmUCP4b*, *GmUCp5a* e *GmUCP5b* apresentaram uma redução nos níveis de expressão. Em raízes, os genes *GmUCP4a* e *GmUCP5b* apresentaram resposta positiva, enquanto que os genes *GmUCP1a2* e *GmUCP3* apresentaram resposta negativa ao estresse.

Tabela 26 – Resumo das respostas dos genes GmUCPs aos estresses PEG e AS

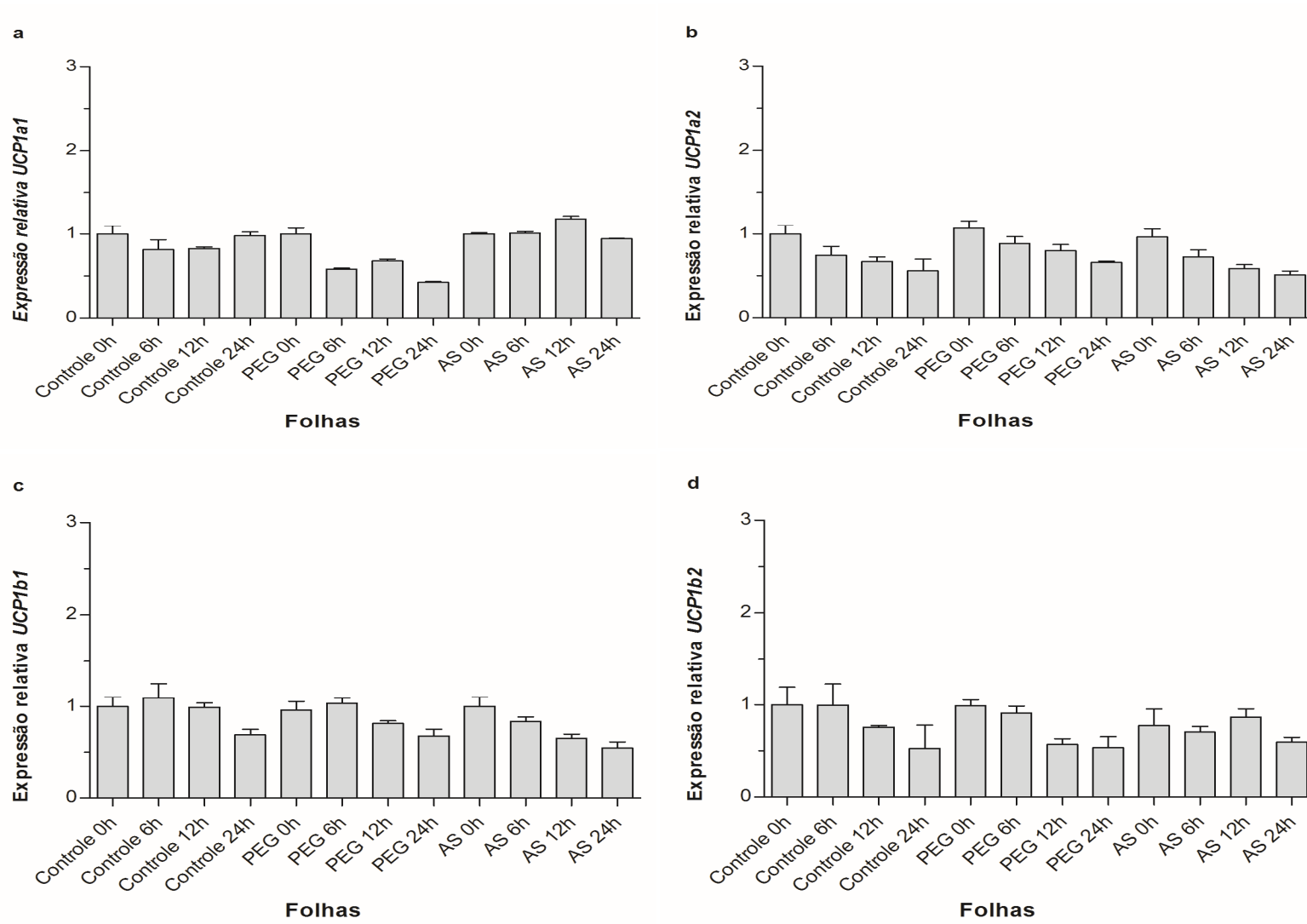
Estresse:	PEG		AS	
Resposta:	Positiva	Negativa	Positiva	Negativa
Folhas	-----	GmUCP1a1	GmUCP1a1	GmUCP1b1
		GmUCP 4a		GmUCP4b
		GmUCP4b		GmUCP5a
				GmUCP5b
Raízes	GmUCP1b1	GmUCP1a2	GmUCP4a	GmUCP1a2
	GmUCP4a	GmUCP4b	GmUCP5b	
	GmUCP5b			

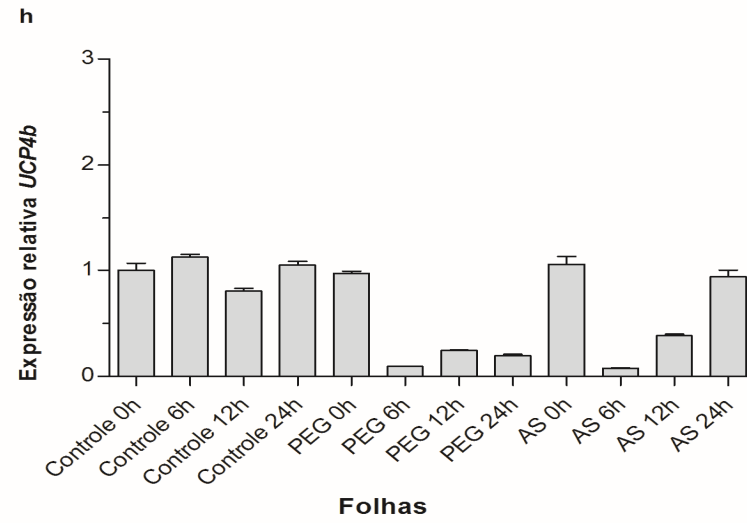
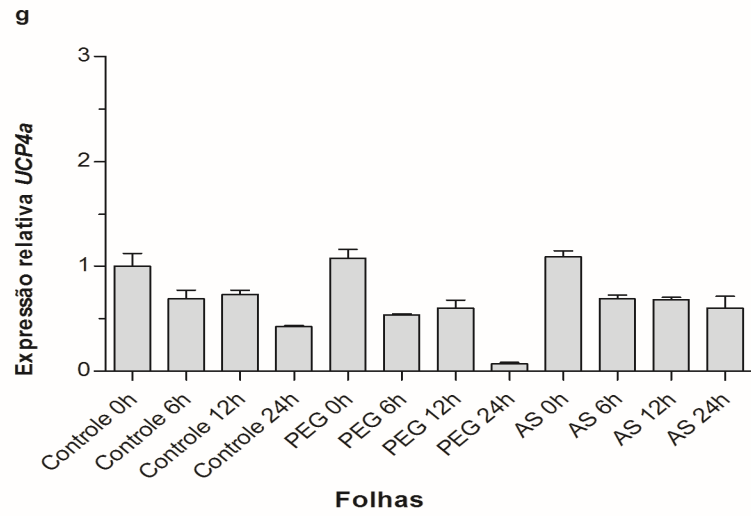
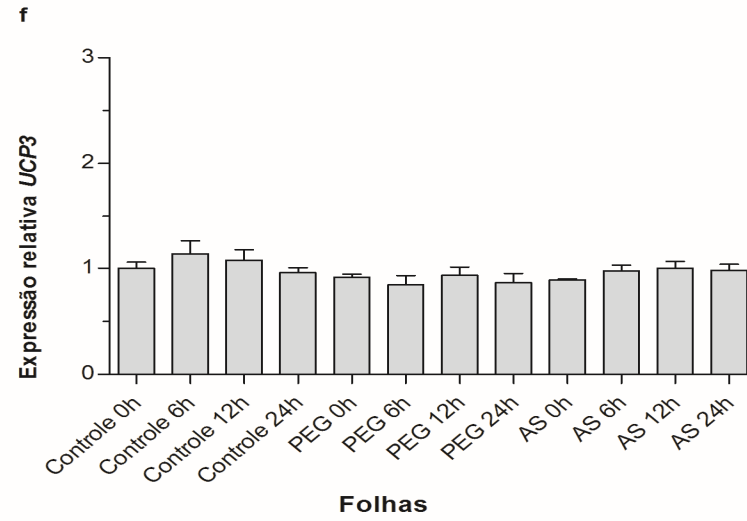
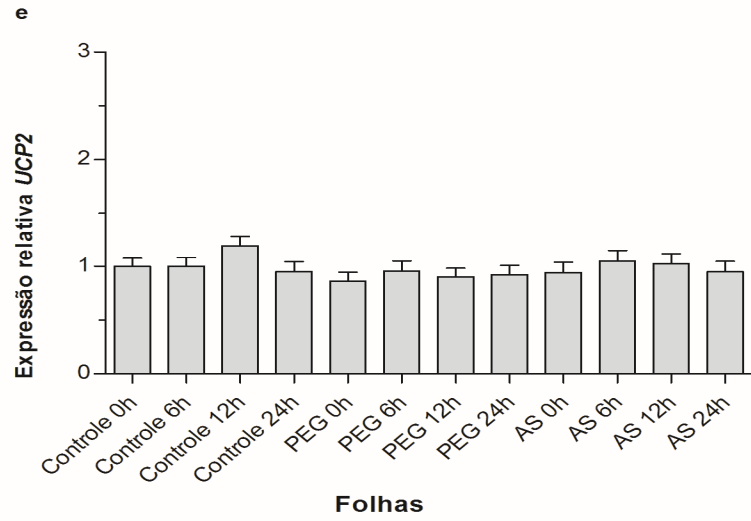
Fonte: Produção do próprio autor

O acúmulo de transcritos analisados em RT-PCR do gene *SsUCP2* foi inalterado quando plântulas de cana de açúcar foram submetidas a estresse por frio (4 °C) até 48 horas. Transcritos de *SsUCP1* e *SsUCP3* não foram detectados durante o tratamento por frio, sugerindo que estes genes não sejam induzidos por baixa temperatura. Em contraste, os genes *SsUCP4* e *SsUCP5* foram fortemente induzidos, atingindo níveis máximos de transcritos em ambos genes após 48 horas de submissão ao estresse (BORECKÝ *et al.*, 2006). Analogamente à outras UCPs/pUCPs (LALOI *et al.*, 1997; MAIA *et al.*, 1998), estas proteínas devem estar envolvidas na redução de EROs durante estresse por frio em mono e dicotiledôneas (BORECKÝ *et al.*, 2006).

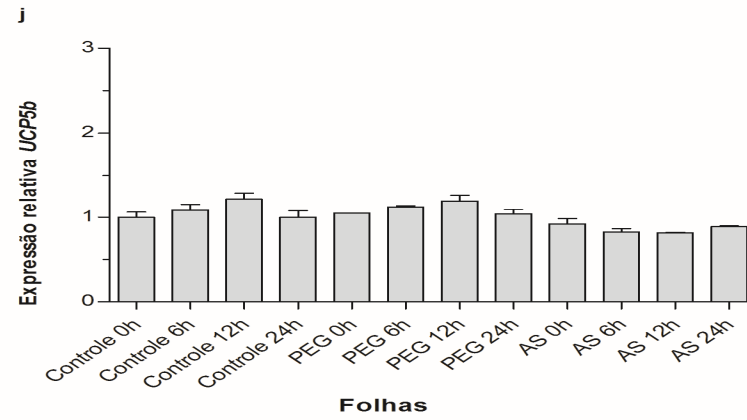
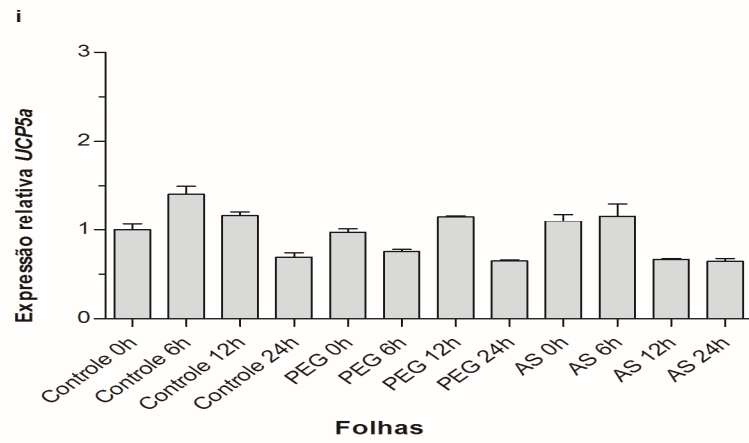
De maneira interessante, a frequência de ESTs dos genes *SsUCP4* e *SsUCP5* foi elevada em bibliotecas de ESTs preparadas de plântulas de cana de açúcar inoculadas com bactérias fixadoras de nitrogênio *Acetobacter diazotrophicans* e *Herbaspirillum rubrisubalbicans* (VETTORE *et al.*, 2003), sugerindo que estes genes possam responder tanto a estresse biótico, quanto abiótico.

Gráfico 2 – Perfil de expressão das GmUCPs durante estresse com PEG e AS em folhas



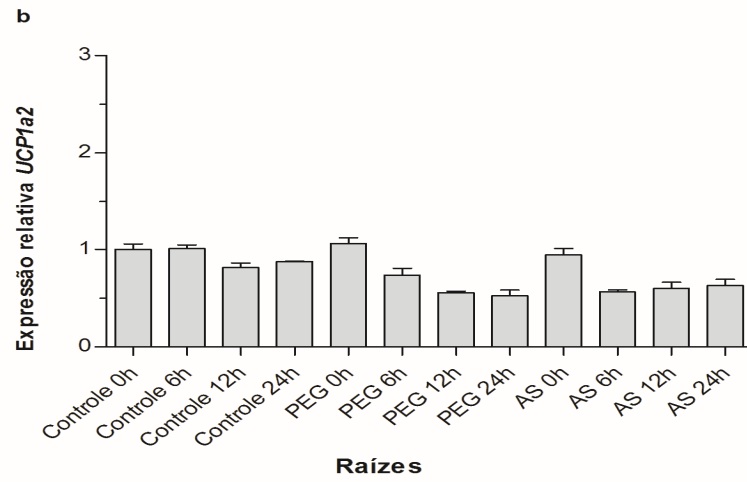
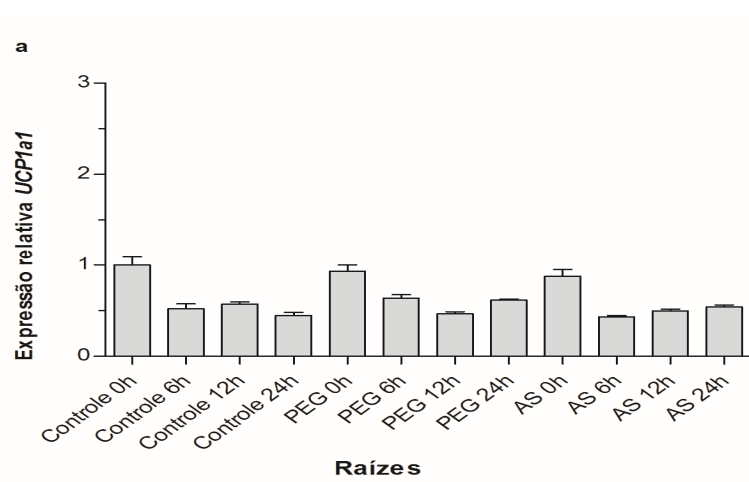


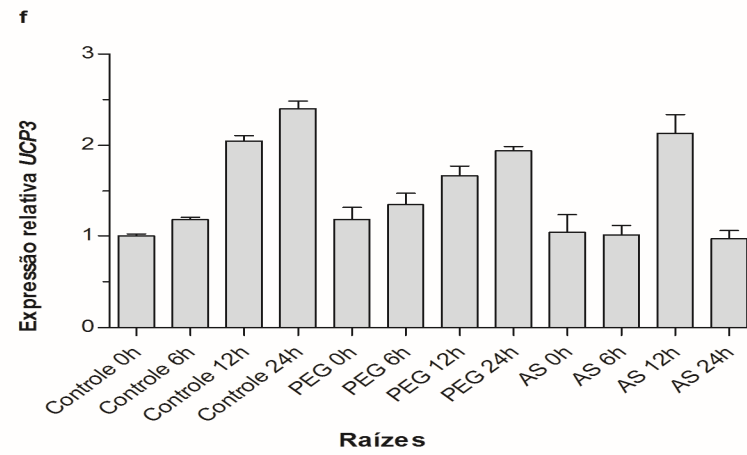
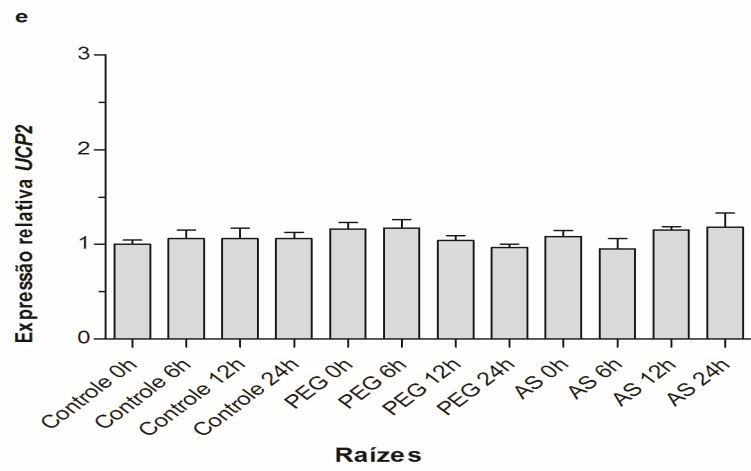
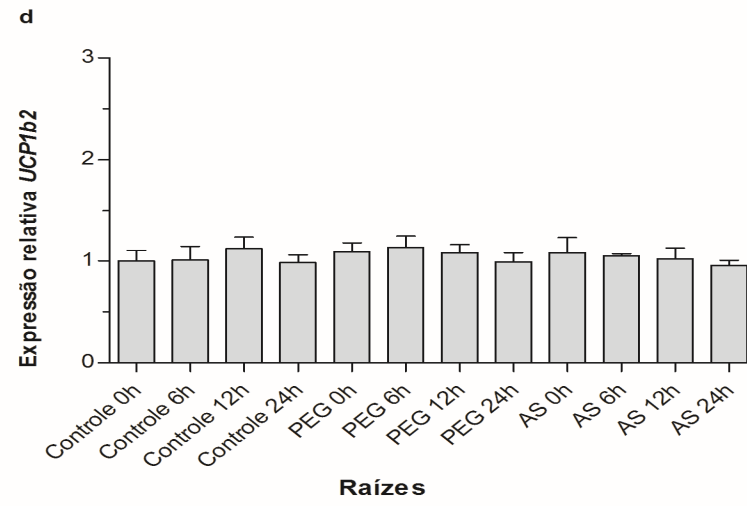
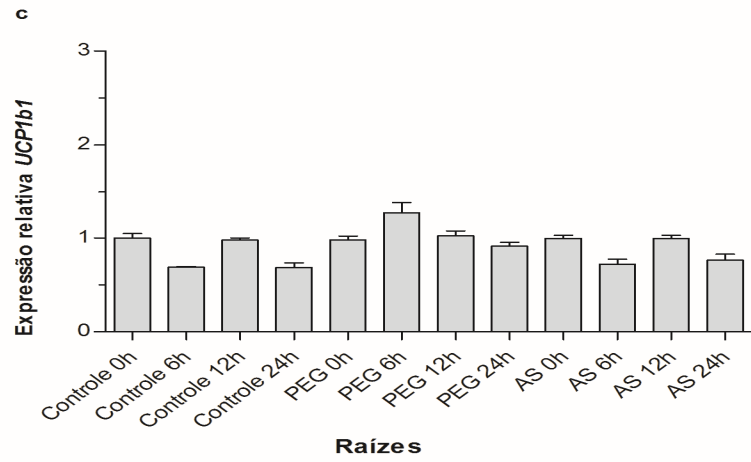


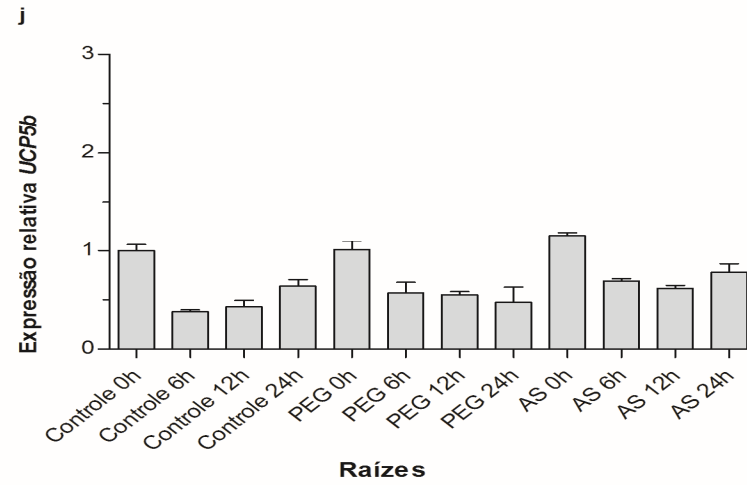
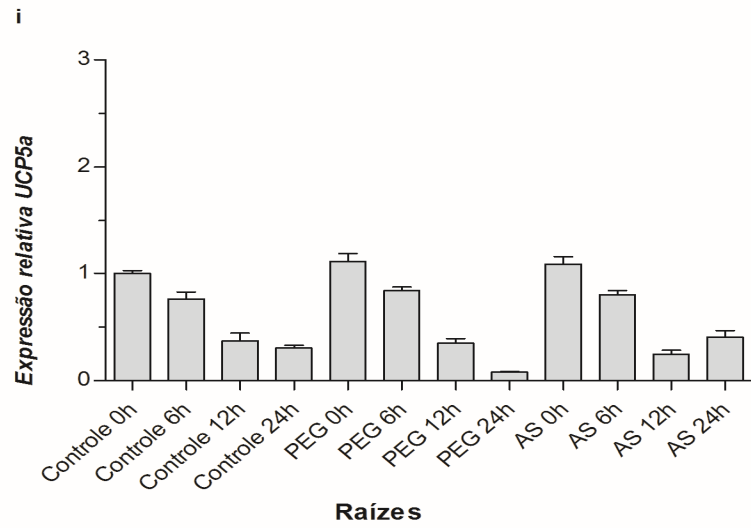
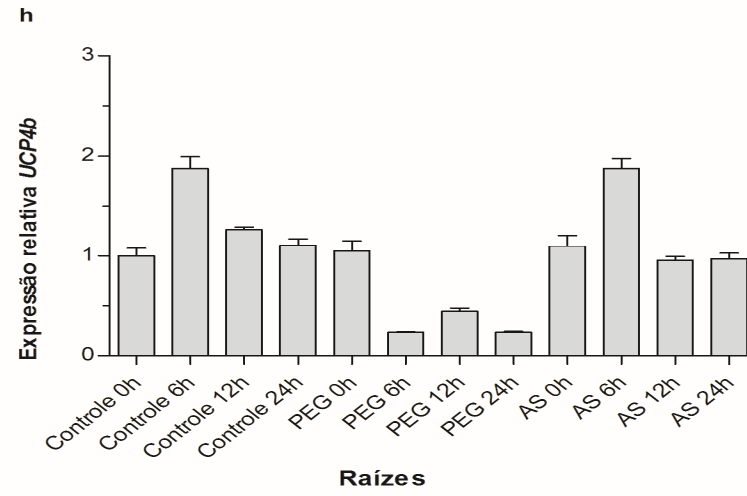
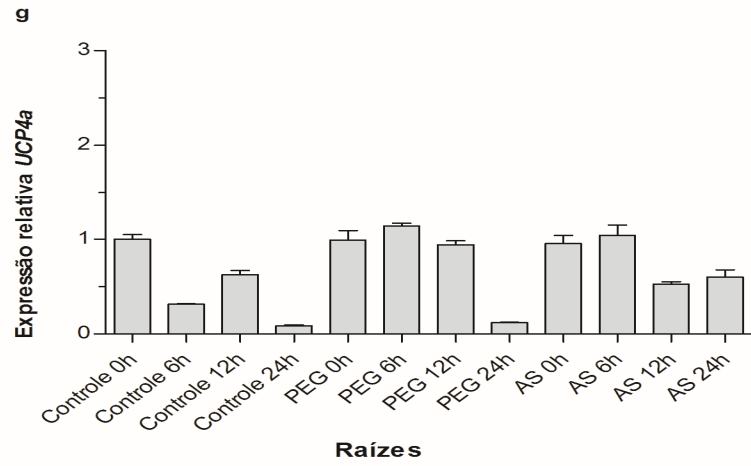


Fonte: Produção do próprio autor

Gráfico 3 – Perfil de expressão das GmUCPs durante estresse com PEG e AS em raízes







*AtUCP1* já foi bem descrito como sendo um gene induzido pelo frio (Maia et al., 1998). Borecký et al. (2006) estudaram a expressão de *AtUCP2-6* por RT-PCR em arábido. *AtUCP2* não foi induzida por tratamento com frio de acordo com os achados de Watanabe et al. (1999). A expressão de *AtUCP3* também pareceu não ser regulada por baixa temperatura.

Em contraste, *AtUCP4* e *AtUCP5* foram fortemente induzidas após 3 horas de tratamento por baixa temperatura e retornaram aos níveis basais depois de 12 horas de exposição a este tratamento. Embora seus perfis de expressão sejam similares, os níveis de acumulação de transcritos para ambas *AtUCPs* foram diferentes. Finalmente, para o gene *AtUCP6*, não foram detectados transcritos durante toda a exposição ao estresse por baixa temperatura (BORECKÝ *et al.*, 2006).

Similar aos resultados descritos no trabalho de Borecký et al (2006), os resultados obtidos neste trabalho com os genes *GmUCP* quando submetidos a estresse abiótico e biótico também mostraram que apenas os membros dos tipos 1, 4 e 5 tiveram um aumento na expressão quando expostos ao estresse de PEG e AS, enquanto que o gene *GmUCP2* manteve um perfil de expressão estável similar aos genes *SsUCP2* e *AtUCP2*.

Tabela 27 – Perfil de expressão de *AtUCP1-2* no Genevestigator em condições de estresse

Regulação	<i>AtUCP1</i>	<i>AtUCP2</i>
Ascendente (Up-regulated)	Baixa temperatura	Flg22
	Fome de potássio	Metil jasmonato
	Disponibilidade de sacarose	
	Flg22	
Descendente (Down-regulated)	Bactéria <i>P. syringae</i>	
	Seca	Hypoxia
	Baixo suprimento de nitrogênio	Morte celular programada
	6-benziladenina	Paclobutrazol
		6-benziladenina
	Bactéria <i>P. syringae</i>	
		Flg22

Fonte: NOGUEIRA; SASSAKI; MAIA, 2011

Uma pesquisa com diferentes dados de microarranjos em *Arabidopsis* utilizando o programa Genevestigator revelou que a expressão de *AtUCP1* e *AtUCP2* é diferencialmente afetada por um modesto número de estímulos ou condições. A redução da expressão do gene *AtUCP1* foi observada sob condições de seca e baixa disponibilidade de nitrogênio. Já as condições que reduziram a expressão de *AtUCP2* incluíram hipóxia, indução de morte celular programada e tratamentos com paclobutrazol. Ambos os genes também foram negativamente modulados por 6-benziladenina, uma citocinina sintética. Aumento da expressão do gene *AtUCP1* foi observada sob deficiência de potássio, disponibilidade de sacarose, baixa temperatura, e em plântulas do cultivar Col-0 tratadas com flg22, um peptídeo sintético derivado da porção N-terminal da flagelina de *Pseudomonas aeruginosa*. Curiosamente, *AtUCP2* mostrou um aumento dos níveis em um mutante insensível a ácido giberélico tratado com flg22 ou metil jasmonato. Em contraste, este gene foi menos expresso pelo elicitor flg22 em Col-0 *background*. Mais notável ainda foi o aumento de expressão do gene *AtUCP1* em resposta a bactéria virulenta e avirulenta *P. syringae*, e a redução da expressão do gene *AtUCP2* nas mesmas condições, contudo essas mudanças foram moderadas. *AtUCP3*, por outro lado, é susceptível de ser expresso constitutivamente diante do fato de sua expressão ter permanecido quase invariável quando analisada sob o conjunto de estresses disponíveis no banco de dados do Genevestigator (NOGUEIRA; SASSAKI; MAIA, 2011).

Os resultados da análise no Genevestigator com estresse biótico (Flg22 e *P. syringae*) mostraram o aumento da expressão do gene *AtUCP1* e com estresse abiótico (seca) mostraram redução na expressão do mesmo gene, estando em conformidade com nossos resultados diante da regulação positiva de *GmUCP1a1* em AS e da regulação negativa de *GmUCP1a1* e *GmUCP1a2* em PEG. Além do fato de o gene *GmUCP3* não ter apresentado resposta ao estresse de PEG e AS, tanto em folhas quanto em raízes.

Em outro banco de dados contendo perfis de expressão de 670 genes codificadores de proteínas mitocondriais em resposta a estresses, a quantidade de transcritos de *AtUCP1* foi regulada (*up* e *down*) em apenas 10 de 219 condições de estresse investigadas. É importante ressaltar que a expressão do gene *AtUCP2* permaneceu invariável em todas as condições testadas (CLIFTON; MILLAR.; WHELAN, 2006). Tal análise dá suporte aos resultados obtidos com o gene *GmUCP2*, mostrando novamente que os membros do tipo 2 geralmente apresentam um perfil de expressão mais estável.

A tabela 28 mostra a expressão de vários membros de pUCPs em diversas plantas, correlacionando a expressão ao tecido e ao estresse submetido (VERCESI *et al.*, 2006). Nesta tabela também pode ser visualizado os resultados dos dados de microarranjos, os quais revelaram que os genes *AtUCP1* e *AtUCP5* são induzidos por estresse de seca/osmótico (KREPS, *et al.*, 2002; SEKI, *et al.*, 2002) e por infecção com o fungo *Alternaria brassicicola* e vírus de RNA (VAN WEES, *et al.*, 2003; WHITHAM, *et al.*, 2003). *AtUCP5* também revelou ter um aumento de expressão por ferimentos causados por fatores abióticos, tais como vento, chuva, granizo, e por fatores bióticos, particularmente pela alimentação da planta por insetos (CHEONG, *et al.*, 2002), indicando então um possível papel fisiológico do gene *AtUCP5* em resposta ao estresse. Uma redução do perfil de expressão promovida por estresse de alta salinidade também foi observada para os genes *AtUCP4* e *AtUCP5* (SEKI, *et al.*, 2002).

Coletivamente, estes dados indicam que em *Arabidopsis*, quando uma regulação transcricional da expressão das pUCPs está presente, ocorre apenas uma resposta muito específica ao estímulo. Levando em consideração o importante papel fisiológico da UCP de proteger as células contra o estresse oxidativo, seus níveis de expressão quase invariáveis sob condições de estresse indicam que o pool de proteínas constitutivas é suficiente para sustentar esta proteção, e sugere a existência de mecanismos regulatórios que atuam a níveis pós-transcricionais (NOGUEIRA; SASSAKI; MAIA, 2011).

Tabela 28 – Membros de pUCP correspondendo a expressão do tecido e/ou estresse relacionado

Gene	Espécie	Tecido	Estresse/condição
StUCp	<i>Solanum tuberosum</i>	Ubíquo (flores)	Frio
AtPUMP1	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Ubíquo (flores e raízes)	Frio, sal, osmótico, ataque patogênico, morte celular programada induzida (MCP)
AtPUMP2	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Silica verde	MCP
AtPUMP3	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Raízes	---
AtPUMP4	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Ubíquo	Frio, seca, estresse oxidativo, ácido abscísico (ABA)
AtPUMP5	<i>Arabidopsis thaliana</i>	Ubíquo	Frio, seca, ABA, osmótico, fermento, ataque patogênico
SfUCPa e b	<i>Symplocarpus fetidus</i>	Espádice	Frio
HmUCPa	<i>Helicodiceros muscivorus</i>	Ubíquo	n.d.
WhUCP1ae 1b	<i>Triticum aestivum</i>	Ubíquo	---
MnUCP	<i>Mangifera indica</i>	n.d. (fruto)	Amadurecimento do fruto
LeUCP	<i>Lycopersicum esculentum</i>	n.d. (fruto)	Frio, amadurecimento do fruto
ZmPUMP	<i>Zea mays</i>	Ubíquo	Estresse oxidativo
OsUCP1 e 2	<i>Oriza sativa</i>	n.d. (folhas)	---
SsPUMP1	<i>Saccharum sp.</i>	Flores (d.d.)	n.d.
SsPUMP2	<i>Saccharum sp.</i>	Ubíquo (raízes)	---
SsPUMP3	<i>Saccharum sp.</i>	Caule (d.d.)	----
SsPUMP4	<i>Saccharum sp.</i>	Ubíquo (folhas e raízes)	Frio
SsPUMP5	<i>Saccharum sp.</i>	Ubíquo (folhas e raízes)	Frio

Fonte: Vercesi et. al., 2006, pg.392

d.d., determinado digitalmente; n.d., não determinado

## 6 CONCLUSÃO

Todas as 10 leguminosas da ordem fabales analisadas apresentaram uma família multigênica de 5 tipos diferentes de genes codificantes para a proteína desacopladora mitocondrial em planta e uma duplicação do gene *UCP1*. Foram encontrados em soja 10 genes codificantes da pUCP, além da presença de um splicing alternativo no gene *GmUCP1b1*.

O perfil de expressão gênica mostrou que todos os genes *GmUCP* foram expressos em todos os tecidos/órgãos analisados durante o desenvolvimento da soja, com exceção dos genes *GmUCP1a2*, *GmUCP1b1*, *GmUCP1b1Spl*, *GmUCP1b2* e *GmUCP5b* em semente seca e *GmUCP5b* em epicótilo. Os diferentes perfis de expressão de cada gene durante o desenvolvimento de cada tecido/órgão sugerem que ocorra uma regulação gênica espacial/temporal entre os membros da GmUCP.

Os perfis de expressão dos genes *GmUCP* em soja durante as condições de estresses foi diversificado, visto que 2 genes apresentaram expressão estável em ambos tecidos/estresse, 7 genes apresentaram redução do perfil de expressão, enquanto apenas 4 genes apresentaram aumento dos níveis de transcritos.



## REFERÊNCIAS

- ADAMS K. L.; WENDEL J. F. 2005 Allele-specific, bi-directional silencing of an alcohol dehydrogenase gene in diferente organs of interspecific diploid cotton hybrids. *Genetics* 171,2139–2142.
- ALMEIDA, L.A.; KIIHL, R.A.S.; MIRANDA, M.A.C.; CAMPELO, G.J.A. Melhoramento da soja para regiões de baixas latitudes, In Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o nordeste brasileiro. (M.A. Queiroz, C.O. Goedert e S.R.R. Ramos, eds.) 1999.
- APEL, K.; HIRT, H. Reactive oxygen species: metabolism, oxidative stress, and signal transduction. *Annual Review of Plant Biology*, Palo Alto, v. 55, p. 373-399, 2004.
- ANDREWS, Z. B.; DIANO, S.; HORVATH, T. L. (2005) Mitochondrial uncoupling proteins in the CNS: in support of function and survival. *Nat Rev Neurosci* 6:829–840
- ARCO, A.; SASTRÚSTEGUI, J. New mitochondrial carriers: an overview. *Cell. Mol. Life Sci.* v. 62, p. 2204–2227, 2005.
- ARSENJEVIC, D.; ONUMA, H.; PECQUEUR, C.; RAIMBAULT, S.; MANNING, B. S.; MIROUX, B.; COUPLAN, E.; ALVES-GUERRA, M. C.; GOUBERN, M.; SURWIT, R. et al. (2000) Disruption of the uncoupling protein-2 gene in mice reveals a role in immunity and reactive oxygen species production. *Nat Genet* 26:435–439
- ASADA, K. The water-water cycle in chloroplasts: scavenging of active oxygens and dissipation of excess photons. *Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology*, Palo Alto, v. 50, p. 601-639, 1999.
- BAILEY; T.L.; ELKAN, C. Fitting a mixture model by expectation maximization to discover motifs in biopolymers. (1994) *Proc. Second Intl. Conf. Intell. Syst., Mol. Biol.* pp. 28-36, Menlo Park , Calif: AAAI Press.
- BAILLY, C.; BENAMAR, A.; CORBINEAU, F.; CÔME, D. Free radical scavenging as affected by accelerated ageing and subsequent priming in sunflower seeds. *Physiologia Plantarum*, Lund, v.104, p.626-652, 1998.
- BAILEY; T.L.; GRIBSKOV, M. Combining evidence using p-values: application to sequence homology searches. *Bioinformatics*, v. 14, p. 48-54, 1998.
- BARTELS, D. Targeting detoxification pathways: an efficient approach to obtain plants with multiple stress tolerance? *Trends in Plant Science*, Kidlington, v. 6, p. 284-286, 2001.
- BARTELS, D.; SUNKAR, R. Drought and salt tolerance in plants. *Critical Reviews in Plant Sciences*, Boca Raton, v. 24, p. 23-58, 2005.
- BECK, E.H.; FETTIG, S.; KNAKE, C.; HARTING, K.; BHATTARAI, T. Specific and unspecific responses of plants to cold and drought stress. *Journal of Biosciences*, Bangalore, v. 32, n. 3, p. 501-510, 2007.

BERARDI, Marcelo J. et al. Mitochondrial uncoupling protein 2 structure determined by NMR molecular fragment searching. **Nature**, v. 476, n. 7358, p. 109-113, 2011.

BERGEROT, Caroline. Cozinha Vegetariana: A soja no seu dia-a-dia. São Paulo: Cultrix, 2003, 383 p.

BLACK, R. J. Complexo soja: fundamentos, situação atual e perspectiva. In: CÂMARA, G. M. S. (Ed.). Soja: tecnologia de produção II. Piracicaba: ESALQ, p.118, 2000.

BLANC G, BARAKAT A, GUYOT R, COOKE R, DELSENY M. 2000. Extensive duplication and reshuffling in the Arabidopsis genome. *The Plant Cell* 12, 1093–1101.

BOARD, P.G.; PIERCE, K.; COGGAN, M. Expression of functional coagulation factor XIII in *Escherichia coli*. **Thromb Haemost.** 1990;63(2):235-40.

BONATO, Emídio Rizzo; VELLO, Natal Antonio. Aspectos genéticos do tempo para o florescimento em variantes naturais de soja. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*. 1999, v. 34, n. 6, pp. 988-993.

BONETTI, L. P. Distribuição da soja no mundo: origem, história e distribuição. In: MIYASAKA, S.; MEDINA, J.C. (Ed.). A soja no Brasil. Campinas: ITAL, p. 1-6, 1981.

BORECKÝ J.; MAIA, I.G.; ARRUDA, P. Mitochondrial uncoupling proteins in mammals and plants, **Biosci Rep**, v.21, p.201-212, 2001a.

BORECKÝ, J., MAIA, I.G.; COSTA, A.D.; JEŽEK, P.; CHAIMOVICH, H. Functional reconstitution of *Arabidopsis thaliana* plant uncoupling mitochondrial protein (AtPUMP1) expressed in *Escherichia coli*. *FEBS Lett.*, v. 505, p. 240-44, 2001b.

BORECKÝ, J.; NOGUEIRA, F.T.S.; DE OLIVEIRA, K.A.P.; MAIA, I.G.; VERCESI, A.E.; ARRUDA, P. The plant energy-dissipating mitochondrial systems: depicting the genomic structure and expression profiles of the gene families of uncoupling protein and alternative oxidase in monocots and dicots, **J Exp Bot**, v.57, p.849-864, 2006.

BORECKÝ, J., VERCESI, A.E. Plant Uncoupling Mitochondrial Protein and Alternative Oxidase: Energy Metabolism and stress. *Biosc. Rep.*, v. 25, p. 3-4, 2005.

BOSS, O.; SAMEC, S.; PAOLONI-GIACONINO, A.; ROSSIER, C.; DULLOO, A.; SEYDOUX, J.; MUZZIAN, P.; GIACOBINO, J.P. Uncoupling protein-3: a new member of the mitochondrial carrier family with tissue-specific expression. *FEBS Lett*, v. 408, p. 39-42, 1997.

BOUILLAUD, F.; ARECHAGA, I.; PETIT, P.X.; RAIMBAULT, S.; LEVIMEYRUEIS, C.; CASTEILLA, L.; LAURENT, M.; RIAL, E.; RICQUIER, D. A sequence related to a DNA recognition element is essential for the inhibition by nucleotides of proton transport through the mitochondrial uncoupling protein. *The EMBO J.* v.13 (8), p. 1990-1997, 1994.

BOWLER, C.; VANMONTAGU, M.; INZÉ, D. Superoxide dismutase and stress tolerance. *Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology*, 43:83-116, 1992.

BRAND, M. D. AFFORTIT, C.; ESTEVES, T.C.; GREEN, K.; LAMBERT, A.J.; MIWA, S. PAKAY, J.L.; PARKER, N. Mitochondrial superoxide: Production, biological effects, and activation of uncoupling proteins. *Free Rad. Biol. Med.* v. 37, p. 755-767, 2004.

BRANDALISE, M., MAIA, I.G., BORECKÝ, J., VERCESI, A.E., ARRUDA, P. Overexpression of Plant Uncoupling Mitochondrial Protein in Transgenic Tobacco Increases Tolerance to Oxidative Stress. *J.Bioenerg. Biomemb.*, v. 35 (3), 2003

BRAY, E. Genes commonly regulated by water-deficit stress in *Arabidopsis thaliana*. *Journal of Experimental Botany*, Oxford, v. 55, n. 407, Nov. 2004.

BUSAM, G.; KASSEMAYER, H. H.; MATTERN, U. Differential expression of chitinases in *Vitis vinifera* L. responding to systemic acquired resistance activators of fungal challenge. *Plant Physiology*, Rockville, v.115, p.1029-1038, 1997.

CALBO, M. E. R.; MORAES, J. A. 2000. Efeitos da deficiência de água em plantas de *Eutepa oleracea* (açai). **Revta brasil. Bot.**, **23**: 225-230.

CAMPBELL, M.K. *Biochemistry*. Fort Worth, USA: Harcourt Brace Jovanovich College Publishers, 1991. 622 p.

CANNON, B.; SHABALINA, I.G.; KRAMAROVA, T. V. PETROVIC, N.; NEDERGAARD. Uncoupling protein: a role in protection against reactive oxygen species – or not? *Biochim. Bioph. Acta.* v. 1757(5-6), p. 449-458, 2006.

CASAGRANDE, E. C.; FARIAS, J. R. B.; NEUMAIER, N.; OYA, T.; PEDROSO, J.; MARTINS, P. K.; BRETON, M. C.; NEPOMUCENO, A. L. Expressão gênica diferencial durante déficit hídrico em soja. *Revista Brasileira de Fisiologia Vegetal* [online], Campinas, v. 13, n. 2, p. 168-184, 2001.

CASTILLO-DAVIS, C. I.; MEKHEDOV, S. L.; HARTL, D. L. KOONIN, E. V.; KONDRASHOV, F. A. Selection for short introns in highly expressed genes. *Nat Genet.* v. 31, p. 415-418, 2002.

CAVALHEIRO, R.A.; FORTES, F.; BORECKÝ, J.; FAUSTINONI, V.C.; SCHREIBER, A.Z.; VERCESI, A.E. Respiration, oxidation phosphorylation, and uncoupling protein in *Candida albicans*. *Braz. J. Med. Biol. Res.* v. 37, p. 1455-61, 2004.

CHAOUI, A.; MAZHOUDI, S.; GHORBAL, M.H.; EL FERZANI, E. Cadmium and zinc induction of lipid peroxidation and effects on antioxidant enzymes activities in bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Plant Science*, Madison, v.127, p.139-147, 1997.

CHAVES, M.M.; MAROCO, J.P.; PEREIRA, J.S. Understanding plant responses to drought – from genes to the whole plant. *Functional Plant Biology*, Victoria, v. 30, p. 239-264, 2003.

CHEONG, Y. H.; CHANG, H. S.; GUPTA, R.; WANG, X.; ZHU, T. *et al.* 2002. Transcriptional profiling reveals novel interactions between wounding, pathogen, abiotic stress, and hormonal responses in *Arabidopsis*. *PlantPhysiol.* 129:661–77

CHUNG, G.; SINGH, R.J. Broadening the Genetic Base of Soybean: A Multidisciplinary Approach. *Critical Reviews in Plant Sciences*, Boca Raton, v. 27, n.5, p. 295-341, 2008.

CLIFTON, R.; MILLAR, A. H.; WHELAN, J. (2006) *Biochim Biophys Acta* 1757:730–741

CONSIDINE, M.J.; GOODMAN, M.; ECHTAY, K.S.; LALOI, M. WHELAN, J. Superoxide stimulates a proton leak in potato mitochondria that is related to the activity of uncoupling protein. *J. Biol. Chem.* v. 278, p. 22298-302, 2003.

COSTA NETO, P. R.; ROSSI, L. F. S. Produção de biocombustível alternativo ao óleo diesel através da transesterificação de óleo de soja usado em fritura. *Química Nova*, v.23, p. 4, 2000.

DICKISON, W.C. 2000. **Integrative Plant Anatomy**. USA, Academic Press. 533p.

DIVAKARUNI; A.S.; BRAND, M.D. The Regulation and Physiology of Mitochondrial Proton Leak. *Physiol.* v. 26, p. 192-205, 2011.

DONADELLI, M.; DANDO, I.; FIORINI, C.; PALMIERI, M. (2014) UCP2, a mitochondrial protein regulated at multiple levels. *Cell Mol Life Sci* 71: 1171-90.

ECHTAY, K. S. (2007) Mitochondrial uncoupling proteins—what is their physiological role? *Free Radic Biol Med* 43:1351–1371

EMBRAPA - Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária; Tecnologias de Produção de Soja Região Central do Brasil 2004 - A soja no Brasil. Embrapa Soja, Sistema de Produção, Nº 1. Disponível em: <[www.cnpso.embrapa.br/producaosoja/SojanoBrasil.htm](http://www.cnpso.embrapa.br/producaosoja/SojanoBrasil.htm)> Acesso em: 02/04/2015.

EMBRAPA. Sistema de produção 11: Tecnologias de produção de soja – região central do Brasil 2007. Londrina: EMBRAPA SOJA, 2006, 225p.

EMBRAPA. Tecnologias de Produções de Soja - Região Central do Brasil 2008. Londrina: Embrapa Soja: Embrapa Cerrados: Embrapa Agropecuária Oeste, 2008. 208 p. (Embrapa Soja, Sistema de Produções, 12).

FEHR, W.R.; CAVINESS, C. E. Stages of soybean development. Ames: Iowa State University of Science and Technology, 1977, 11p.

FLEURY, C.; NEVERONA, M.; COLLINS, S.; RAIMBAULT, S. CHAMPIGNY, O. Uncoupling protein-2: a novel gene linked to obesity and hyperinsulinemia. *Nat. Genet.* v. 15, p. 269-272, 1997.

FLEXAS, J.; MEDRANO, H. Drought-inhibition of photosynthesis in C3 plants: stomatal e non-stomatal limitations revisited. *Annals of Botany, Oxford*, v. 89, p. 183-189, 2002.

Force A., Cresko W. A., Pickett F. B., Proulx S. R., Amemiya C. and Lynch M. 1999 The origin of subfunctions and modular gene regulation. *Genetics* 170,433–446.

FOYER, C.H.; LOPEZ-DELGADO, H.; DAT, J.F.; SCOTT, I.M. Hydrogen peroxide and glutathione-associated mechanisms of acclimatory stress tolerance and signalling. *Physiologia Plantarum*, Lund, v.100, p.241-254, 1997.

FOYER, C.H; NOCTOR, G. Oxygen processing in photosynthesis: regulation and signalling. *New Phytologist*, 146:359-388, 2000.

FRIDELL, Y-W. C.; SÁNCHEZ-BLANCO, A.; SILVIA, B. A.; HELFAND, S. L. (2004) Functional characterization of a *Drosophila* mitochondrial uncoupling protein. *J. Bioenerg. Biomembr.* 36:219–28

GARANTIZADO, F.E.A.; COSTA, J.H.; MAIA, I.G.; FERNANDES DE MELO, D. Expressão diferencial dos genes *VuUCP1a* e *VuUCP1b* em caupi sob estresse salino. **Rev. Ciênc. Agron.** v.42 (2), p. 404-408, 2011.

GARLID, K. D.; OROSZ, D.E.; MODRIANSKÝ, M.; VASSANELLI, S. JEZEK, P. On the mechanism of fatty acid-induced proton transport by mitochondrial uncoupling protein. *J. Biol. Chem.* v. 270, p. 2615-2620, 1996.

GARLID, K. D.; JABUREK, M.; JEZEK, P.; VARECHA, M. (2000) How do uncoupling proteins uncouple? *Biochim Biophys Acta* 1459:383–389

GIANNOPOLITIS, C.N.; RIES, S.K. Superoxide dismutases. 1. Occurrence in higher plants. *Plant Physiology*, Rockville, v.59, p.309-314, 1977.

GRAZIANO, J. R. Manual Técnico das Culturas – CATI, 2ª ed., Graça D' Auria, 1997, p. 457 - 516.

GREGGAINS, V.; FINCH-SAVAGE, W.E.; QUICK, W.P.; ATHERTON, N.M. Metabolism-induced free radical activity does not contribute significantly to loss of viability in moist-stored recalcitrant seeds of contrasting species. *New Phytologist*, Lancaster, v.148, p.267-276, 2000.

GURLEY, T. 1979. Sequence organization of the soybean genome. *Biochem. Biophys. Acta* 561:167-183.

HANÁK, Petr; JEŽEK, Petr. Mitochondrial uncoupling proteins and phylogenesis–UCP4 as the ancestral uncoupling protein. **FEBS letters**, v. 495, n. 3, p. 137-141, 2001.

HARDEGREE, S. P.; EMMERICH, W. E. Seed germination response to polyethylene glycol solution depth. *Seed Science and Technology*, v. 22, n. 1, p. 1-7, 1994.

HARDT, M.; LAINE, R. A. Mutation of active site residues in the chitin-binding domain ChBDChiA1 from chitinase A1 of *Bacillus circulans* alters substrate specificity: use of a green fluorescent protein binding assay. *Arch Biochem Biophys.* 2004;426(2):286-97.

HOAGLAND D, ARNON DI. The water culture method for growing plants without soil. *California Agriculture Experimental Station Circular* 1950. 347 p.

- HORVÁTH, E.; PÁL, M.; SZALAI, G.; PÁLDI, E.; JANDA, T. Exogenous 4-hydroxybenzoic acid and salicylic acid modulate the effect of short-term drought and freezing stress on wheat plants, *Biol. Plant.* 51, 480–487, 2007.
- HORVATH, E.; SZALAI, G.; JANDA, T. Induction of abiotic stress tolerance by salicylic acid signaling. *Journal Plant Growth Regulation*, v. 26, p. 290-300, 2007.
- HU, R.; FAN, C.; LI, H.; ZHANG, Q. F.; FU, Y. F. (2009) Evaluation of putative reference genes for gene expression normalization in soybean by quantitative real-time RT-PCR. *BMC Mol Biol* 10:93
- ITO, K. Isolation of two distinct cold-inducible cDNAs encoding plant uncoupling proteins from the spadix of skunk cabbage (*Symplocarpus foetidus*). *Plant Sci.* v. 149, p. 167-73, 1999.
- ITO, M.F.; TANAKA, M.A. de S. Soja: principais doenças causadas por fungos, bactérias e nematóides. Campinas: Fundação Cargill, 1993. 234p.
- JARMUSZKIEWICZ, W.; BEHRENDT, M.; NAVET, R.; SLUSE, F. E. 2002. Uncoupling protein and alternative oxidase of *Dictyostelium discoideum*: occurrence, properties and protein expression during vegetative life and starvation-induced early development. *FEBS Lett.* 532:459–64
- JARMUSZKIEWICZ, W.; MILANI, G.; FORTES, F.; SCHREIBER, A. Z.; SLUSE, F. E.; *et al.* (2000) First evidence and characterization of an uncoupling protein in fungi kingdom: CpUCP of *Candida parapsilosis*. *FEBS Lett.* 467:145–49
- JARMUSZKIEWICZ, W.; SLUSE-GOFFART, C. M.; HRYNIEWIECKA, L.; SLUSE, F. E. 1999. Identification and characterization of a protozoan uncoupling protein in *Acanthamoeba castellanii*. *J. Biol. Chem.* 274:23198–220
- JEŽEK, P.; COSTA, A.D.T.; VERCESI, A.E. Evidence for anion-translocating plant uncoupling mitochondrial protein in potato mitochondria. *J. Biol. Chem.* v.. 271, p. 32743-48, 1996.
- JEZEK, P.; URBÁNKOVÁ, E. Specific sequence motifs of mitochondrial uncoupling proteins. *IUBMB Life* v. 49, p. 63-70, 2000.
- JONES R, RUAS M, GREGORY F, MOULIN S, DELIA D, MANOUKIAN S, ROWE J, BROOKES S, PETERS G. A CDKN2A mutation in familial melanoma that abrogates binding of p16INK4a to CDK4 but not CDK6. *Cancer Res.* 2007;67(19):9134-41.
- JUNG, S.; KIM, J.S.; CHO, K.Y.; TAE, G.S.; KANG, B.G. Antioxidant responses of cucumber to photoinhibition and oxidative stress induced by norflurazon under high and low PPFs. *Plant Science, Madison*, v.153, p.145-154, 2000.
- KABAT, A.P.; ROSE, R.W. Molecular identification of uncoupling proteins 2 and 3 in carnivorous marsupial, Tasmanian devil (*Sarcophilus harrisii*). *Physiol. Biochem Zool.* v. 77 (1), p. 109-115, 2004.

- KELLER, P. A.; LEHR, L.; GIACOBINO, J. P.; CHARNAY, Y.; ASSIMACOPOULOSJEANNET, F.; GIOVANNINI, N. (2005) Cloning, ontogenesis, and localization of an atypical uncoupling protein 4 in *Xenopus laevis*. *Physiol Genomics* 22:339–345
- KERBAUY, G. B. *Fisiologia vegetal*. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2008.
- KIIHL, R.A.S.; GARCIA, A. The use of the long-juvenile trait in breeding soybean cultivars. In: *WORLD SOYBEAN RESEARCH CONFERENCE*, 4, p. 994-1000, 1989.
- Kim, E., Goren, A., Ast, G. (2007). Alternative splicing: current perspectives. *BioEssays*. 30(1), 38-47.
- KLEIN, S. L.; STRAUSBERG, R. L.; WAGNER, L.; PONTIUS, J.; CLIFTON, S. W.; RICHARDSON, P. 2002. Genetic and genomic tools for *Xenopus* research: the NIH *Xenopus* initiative. *Dev. Dyn.* 225:384–91
- KLINGENBERG, M. Mechanism and evolution of the uncoupling protein of brown adipose tissue. *Trends. Biochem. Sci.* v. 15, p. 108-12, 1990.
- KONG, D.; VONG, L.; PARTON, L. E.; YE, C.; TONG, Q.; HU, X.; CHOI, B.; BRUNING, J. C.; LOWELL, B. B. (2010) Glucose stimulation of hypothalamic MCH neurons involves K(ATP) channels, is modulated by UCP2, and regulates peripheral glucose homeostasis. *Cell Metab* 12:545–552
- KOUKOURITAKI SB, POCH MT, HENDERSON MC, SIDDENS LK, KRUEGER SK, VANDYKE JE, WILLIAMS DE, PAJEWSKI NM, WANG T, HINES RN. Identification and functional analysis of common human flavincontaining monooxygenase 3 genetic variants. *J Pharmacol Exp Ther.* 2007;320(1):266-73
- KOVTUN, Y.; CHIU, W-L.; TENA, G., SHEEN, J. (2000) Functional analysis of oxidative stress-activated mitogen-activated protein kinase cascade in plants. *Proc Natl Acad Sci USA* 97: 2940–2945
- KOWALTOWSKI, A.J.; COSTA, A.D.T.; VERCESI, A.E. Activation of the potato plant uncoupling mitochondrial protein inhibits reactive oxygen species generation by the respiratory chain, **FEBS Lett**, v.425, p.213-216, 1998.
- KRAUSS, S.; ZHANG, C. Y.; LOWELL, B. B. (2005) The mitochondrial uncoupling-protein homologues. *Nat Rev Mol Cell Biol* 6:248–261
- KREPS, J. A.; WU, Y.; CHANG, H. S.; ZHU, T.; WANG, X.; *et al.* 2002. Transcriptome changes for *Arabidopsis* in response to salt, osmotic, and cold stress. *PlantPhysiol.* 130:2129–41
- KRUMBHOLZ, M.; KOEHLER, K.; HUEBNER, A. Cellular localization of 17 natural mutant variants of ALADIN protein in triple A syndrome - shedding light on an unexpected splice mutation. *Biochem Cell Biol.* 2006;84(2):243-9.

- KÚC, J. Development and future direction of induced systemic resistance in plants. *Crop Protection*, Oxford, v.19, p.859-861, 2000.
- LALOI, M. Plant mitochondrial carrier: an overview. *Cell. Mol. Life. Sci.* v. 56, p. 918944, 1999.
- LALOI, M.; KLEIN, M.; RIESMEIER, J.W.; MULLER-ROBER, B.; FLEURY, C.; BOUILLAUD, F.; RICQUIER, D. A plant cold-induced uncoupling protein. *Nature*. v. 389, p. 135-136, 1997.
- LAMB, C.; DIXON, R. A. (1997) The oxidative burst in plant disease resistance. *Annu Rev Plant Physiol Plant Mol Biol* 48: 251–275
- LAMBERS, H; CHAPIN, F.S; PONS, T.L. 1998. **Plant Physiological Ecology**. New York, Springer-Verlag. 540p.
- Lareau, L.F., Green, R.E., Bhatnagar, R.S., Brenner, S.E. (2004). The evolving roles of alternative splicing. *Current Opinion in Structural Biology*.14(3), 273–282.
- LAWLOR, D.W. Limitation to photosynthesis in water-stressed leaves: stomata vs metabolism and the role of ATP. *Annals of Botany*, Oxford, v. 89, p. 871-885, 2002.
- LAWLOR, D.W.; CORNIC, G. Photosynthetic carbon assimilation and associated metabolism in relation to water deficit in higher plants. *Plant, Cell and Environment*. Oxford, v. 25, p. 275-294, 2002.
- LAZZAROTTO, J. J.; HIRAKURI, M. H. Evolução e perspectivas de desempenho econômico associadas com a produção de soja nos contextos mundial brasileiro. Londrina: Embrapa Soja, p. 46, 2010. (Embrapa Soja. Documentos, 319).
- LEDESMA, A.; DE LACOPA, M. G.; RIAL, E. (2002) The mitochondrial uncoupling proteins. *Genome Biol* 3:ReviewS3015
- LEI, W.; TONG, Z.; SHENGYAN, D. Effect of drought and rewatering on photosynthetic physioecological characteristics of soybean. *Acta Ecologica Sinica*, Amsterdam, v. 26, n. 7, p. 2073-2178, 2006.
- LIVAK KJ, SCHMITTEN TD. Analysis of gene expression data using real-time quantitative PCR and the 2(-Delta Delta C (T)) method. *Methods* 2001; 25: 402-408.
- MAGADUM, S.; BANERJEE, U.; MURUGAN, P.; GANGAPUR, D.; RAVIKESAVAN, R. (2013). Gene duplication as a major force in evolution. *Journal of genetics*,92(1), 155-161.
- MAIA, I.G.; BENEDETTI, C.E.; LEITE, A.; TURCINELLI, S.R.; VERCESI, A.E.; ARRUDA, P. AtPUMP: an Arabidopsis gene encoding a plant uncoupling mitochondrial protein. *FEBS Lett.*, v. 429, p. 403-406, 1998.
- MALLICK, N; MOHN, F.H. Reactive oxygen species: response of alga cells. *Journal of Plant Physiology*, 157:183-193, 2000.



- MAO, W.G.; YU, X.X.; ZHONG, A.; BRUSH, J.; SHERWOOD, S.W.; ADAMS, S.H.; PAN, G. UCP4, a novel brain-specific mitochondrial protein that reduces membrane potential in mammalian cells. *FEBS Lett.* v. 443, p. 326-330, 1999.
- MARSHALL O. Per primer v 1. 1. 20. 2003-2011.
- MASCARENHAS, H.A.A.; TANAKA, R.T.; WUTKE, E.B.; KIKUTI, H. Nitrogênio: a soja aduba a lavoura da cana. *O Agrônomo*. Campinas, 2005, n. 57, v. 1.
- MASTERSON, J. 1994 Stomatal size in fossil plants: evidence for polyploidy in majority of angiosperms. *Science* 264, 421–423.
- MAXWELL, D.P.; WANG, Y.; McINTOSH, L. The alternative oxidase lowers mitochondrial reactive oxygen production in plant cells. *Proc. Nat. Acad. Sci. USA.* V. 96, p. 8271-8276, 1999.
- MAZHOUDI, S.; CHAOUI, A.; GHORBAL, M.H.; EL FERZANI, E. Response of antioxidant enzymes excess copper in tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill). *Plant Science, Madison*, v.127, p.129-137, 1997.
- MENESES, C. H. S. G., LIMA L. H. G. M.; LIMA M. M. A.; VIDAL M. S. Aspectos genéticos e moleculares de plantas submetidas ao déficit hídrico. *Revista Brasileira de Oleaginosas e Fibrosas, Campina Grande.* v. 10, n. 1/2, p. 1039-1072, ago. 2006.
- METRAUX, J. P. Systemic acquired resistance and salicylic acid: current state of knowledge. *European Journal of Plant Pathology*, v. 107, p. 13-18, 2001.
- MITTLER, R. Abiotic stress, the field environment and stress combination. *Trends in Plant Science, Kidlington*, v. 11, n. 1, p. 15-19, Jan. 2006.
- Modrek, B.; Lee, C.J. (2003). Alternative splicing in the human, mouse and rat genomes is associated with an increased frequency of exon creation and/or loss. *Nature Genetics.* 34(2), 177-180.
- MOLLER, I.M. Plant mitochondria and oxidative stress: electron transport , NADPH turnover, and metabolism of reactive oxygen species. *Annu. Rev. Plant. Physiol. Mol. Biol.* v. 52, p. 561-591, 2001
- MOU, Z.; FAN, W.; DONG, X. (2003) Inducers of plant systemic acquired resistance regulate NPR1 function through redox changes. *Cell* 113: 935–944
- MÜLLER, L. Morfologia, anatomia e desenvolvimento. In: MIYASAKA, S.; MEDINA, J.C., (Eds). *A soja no Brasil.* 1981, 1 ed. P. 65-104.
- MULLER, P.; LI, X-P.; NIYOGI, K.K. Non-photochemical quenching: a response to excess light energy. *Plant Physiology, Rockville*, v. 125, p. 1558-1566, 2001.
- MURAYAMA, S.; HANDA, H. 2000. Isolation and characterization of cDNAs encoding mitochondrial uncoupling proteins in wheat: wheat UCP genes are not regulated by low temperature. *Mol. Gen. Genet.* 264:112–18

- NAVET, R.; DOUETTE, P.; PUTTINE-MARIQUE, F. ; SLUSE-GOFFART, C.M.; SLUSE, F.E. Activation and regulation of plant uncoupling protein in potato tuber mitochondria . FEBS Lett. v. 579, p. 4437-4442, 2005.
- NI Z., KIM E. D. , HA M., LACKEY E., LIU J., ZHANG Y. et al. 2009 Altered circadian rhythms regulate growth vigour in hybrids and allopolyploids. *Nature* 457, 327–331
- NICHOLLS, D. G. A history of UCP1. *Biochem. Soc. Trans* 29, 751–755 (2001).
- NICHOLLS, D.G.; LOCKE, R. Thermogenic mechanisms in brown fat. *Physiol. Rev.* V. 64, P. 1–64, 1984.
- NICHOLLS, D.G.; RIAL, E. A history of the first uncoupling protein, UCP1, **J Bioenerg Biomembr**, v.31, p.399-406, 1999.
- NOGUEIRA, F.T.S.; BORECKÝ, J.; VERCESI, A.E.; ARRUDA, P. Genomic structure and regulation of mitochondrial uncoupling protein genes in mammals and plants. *Biosc. Rep.* v. 25, p. 209-225, 2005.
- NOGUEIRA, F.T.S.; SASSAKI, F.T.; MAIA, I.G. Arabidopsis thaliana Uncoupling Proteins (AtUCPs): insights into gene expression during development and stress response and epigenetic regulation. *J Bioenerg Biomembr.* v. 43, p. 71–79, 2011.
- NOWAK M. A., BOERLIJST M. C.; SMITH J. M. 1997 Evolution of genetic redundancy. *Nature* 388, 167–171.
- ODE H, MATSUYAMA S, HATA M, NEYA S, KAKIZAWA J, SUGIURA W, HOSHINO T. Computational characterization of structural role of the non-active site mutation M36I of human immunodeficiency virus type 1 protease. *J Mol Biol.* 2007;370(3):598-607.
- ONDA, Y.; KATO, Y.; ABE, Y.; ITO, T.; MOROHASHI, M.; ITO, Y.; ICHIKAWA, M.; MATSUKAWA, K.; KAKIZAKI, Y.; KOIWA, H.; ITO, K. Functional coexpression of the mitochondrial alternative oxidase and uncoupling protein underlies thermoregulation in the thermogenic florets of skunk cabbage, *Plant Physiol*, v.146, p.636-645, 2008.
- ORACZ, KRYSZYNA *et al.* ROS production and protein oxidation as a novel mechanism for seed dormancy alleviation. **The Plant Journal**, v. 50, n. 3, p. 452-465, 2007.
- Ortiz MA, Light J, Maki RA, Assa-Munt N. **Mutation analysis of the Pip interaction domain reveals critical residues for protein-protein interactions.** *Proc Natl Acad Sci U S A.* 1999;96(6):2740-5.
- PAIVA, R.; OLIVEIRA, L. M. *Fisiologia e Produção Vegetal.* Lavras: UFLA, 2006. 104 p.
- PALMIERI, L.; ROTTENSTEINER, H.; GIRZALSKY, W.; SCARCIA, P.; PALMIERI, F.; ERDMANN, R. Identification and functional reconstitution of the yeast peroxisomal adenine nucleotide transporter. *EMBO J.* v. 20, p. 5049–5059, 2001.

- PALMIERI, L.; PICAULT, N.; ARRIGONI, R.; BESIN, E.; PALMIERI, F.; HODGES, M. Molecular identification of three *Arabidopsis thaliana* mitochondrial dicarboxylate carrier isoforms: organ distribution, bacterial expression, reconstitution into liposome sans functional characterization. *Biochem. J.* v. 410, p. 621-629, 2008.
- PAULA, S. R. de, FAVERET, P. Panorama do Complexo Soja. 1998
- PASTORE, D.; FRATIANNI, A.; DI PEDE, S.; PASSARELLA, S. Effects of fatty acids, nucleotides and reactive oxygen species on durum wheat mitochondria, **FEBS Lett**, v.470, p.88-92, 2000.
- PEBAY-PEYROULA, E., DAHOUT-GONZALEZ, C., KAHN, R., TRÉZÉGUET, V., LAUQUIN, G. J. M., & BRANDOLIN, G. (2003). Structure of mitochondrial ADP/ATP carrier in complex with carboxyatractyloside. *Nature*, 426(6962), 39-44.
- PICAULT, N.; HODGES, M.; PALMIERI, L.; PALMIERI, F. The growing family of mitochondrial carriers in *Arabidopsis*. *TRENDS in Plant Sci.* v.9 (3), p. 1360-1385, 2004.
- PIMENTEL, C. A relação da planta com a água. Seropédica: Edur, 2004. 191p.
- PINHEIRO, M. M.; SANDRONI, M.; LUMMERZHEIM, M.; OLIVEIRA, D.E. A defesa das plantas contra as doenças. *Revista Ciência Hoje*, São Paulo, v.147, n.1, p. 25-31, 1999.
- PLAXTON, W. The organization and regulation of plant glycolysis. *Annual Review of Plant Physiology* , v. 47, p.185-214, 1996.
- POPOV, V. N.; EPRINTSEV, A. T.; MALTSEVA, E. V. Activation of Genes Encoding Mitochondrial Proteins Involved in Alternative and Uncoupled Respiration of Tomato Plants Treated with Low Temperature and Reactive Oxygen Species. *Russ. J. Plant Physiol.*, 2011, v.58 (5), pp. 914–920, 2011.
- RAIMBAULD, S.; DRIDI, S.; DENJEAN, F.; LACHUER, J.; COUPLAN, E.; *et al.* 2001. An uncoupling protein homologue putatively involved in facultative muscle thermogenesis in birds. *Biochem. J.* 353:441–44
- RAMPINO, P.; PATALEO, S.; GERERDI, C.; MITA, G.; PERROTTA, C. Drought response in wheat: physiological and molecular analysis of resistant and sensitive genotypes. *Plant, Cell and Environment*, Oxford, v. 29, p. 2143-2152, 2006.
- RIAL, R.; ZARDOYA, R. Oxidative stress, thermogenesis and evolution of uncoupling proteins. *J. Biol.* v, 8(58), p. 1-5, 2009.
- RIAL, E.; RODRÍGUEZ-SÁNCHEZ, L.; GALLARDO-VARA, E.; ZARAGOZA, P.; MOYANO, E.; GONZÁLEZ-BARROSO, M. M. Lipotoxicity, fatty acid uncoupling and mitochondrial carrier function. *Bioch. Biophys. Acta*, V. 1797, p. 800–806, 2010.
- RICHARD, D.; PICARD, F. (2011) Brown fat biology and thermogenesis. *Front Biosci* 16:1233–1260

RICQUIER, D., BOUILLAUD, F., The uncoupling protein homologue: UCP1, UCP2, UCP3, StUCP e AtUCP. *Biochem. J.*, v. 345, p. 161-179, 2000.

RICQUIER, D.; KADER, J.C. Mitochondrial protein alteration in active brown fat: a sodium dodecyl sulfate-polyacrylamide gel electrophoretic study. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* v. 73, p. 577-83, 1976.

ROSSI, V.S. Mecanismo antioxidante em plantas. 10<sup>o</sup> mostra acadêmica UNIMEP. 10<sup>o</sup> Simpósio de ensino de graduação, 2012. <  
[www.unimep.br/phpg/mostracademica/anais/10mostra/4/31.pdf](http://www.unimep.br/phpg/mostracademica/anais/10mostra/4/31.pdf)> visualizado em  
06.04.2015

SANCHIS, D.; FLEURY, C.; CHOMIKI, N.; GOUBERN, M.; HUANG, Q.L.; NEVEROVA, M.; GREGOIRE, F.; EASLICK, J.; RAIMBAULT, S.; LEVIMEYRUEIS, C.; MIROUX, B.; COLLINS, S.; SELDIM, M.; RICHARD, D.; WARDEN, C.; BOUILLAUD, F.; RICQUIER, D. BMCP1, a novel mitochondrial carrier with high expression in the central nervous system of humans and rodents, and respiration uncoupling protein activity in recombinant yeast. *J. Biol. Chem.* v. 273, p. 34611-34615, 1998.

SAITOU N, NEI M. The Neighbor-Joining method-a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol Biol Evol* 1987; 4: 406-25.

SANTOS, M. E. P. **Evolução por duplicação gênica: estrutura e função da classe FoxP.** Dissertação (Mestrado em Biologia Evolutiva e do Desenvolvimento) – Faculdade de Ciências, Universidade de Lisboa, 2007.

SANTOS, R.F.; CARLESSO, R. Déficit hídrico e os processos morfológicos e fisiológicos das plantas. *Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental*, Campina Grande, v. 2, n. 3, p. 287-294, 1998.

SARAIVA, K. D., DE MELO, D. F., MORAIS, V. D., VASCONCELOS, I. M., COSTA, J. H. (2014). Selection of suitable soybean EF1 $\alpha$  genes as internal controls for real-time PCR analyses of tissues during plant development and under stress conditions. *Plant cell reports*, 33(9), 1453-1465.

SAVIANI, E.E.; da SILVA Jr., A. MARTINS, I.S. Photoaffinity labelling of the uncoupling protein from potato tuber mitochondria. *Plant Physiol. Biochem.* v. 35, p. 701-706, 1997.

SCANDALIOS, J.G.; ACEVEDO, A.; RUZSA, S. Catalase gene expression in response to chronic high temperature stress in maize. *Plant Science*, 156:103-110, 2000.

SHARP, P.A. (2009). The Centrality of RNA. *Cell*, 136(4), 577-580.

SHIRLEY BA, STANSSENS P, HAHN U, PACE CN. Contribution of hydrogen bonding to the conformational stability of ribonuclease T1. *Biochemistry*. 1992;31(3):725-32.

SKULACHEV, V.P. Role of uncoupled and non-uncoupled oxidations in maintenance of safely levels of oxygen and its one-electron reductants. *Quart. Rev. Biophys.* v. 29, p. 169-202, 1996.

SLUSE, F.E., JARMUSZKIEWICZ, W., NAVET, R., DOUETTE, P., MATHY, G., SLUSE-GOFFART, C.M. Mitochondrial UCPs: New insights into regulation and impact. *Bioq. Et. Biophys. Acta.*, v. 20, p. 1-6, 2006.

SEDIYAMA, T. (Org.). *Tecnologias de produção e usos da soja*. 1. ed. Londrina, PR: Mecenas, 2009, v. 1. 314 p.

SEKI, M.; NARUSAKA, M.; ISHIDA, J.; NANJO, T.; FUJITA, M., *et al.* 2002. Monitoring the expression profiles of 7000 Arabidopsis genes under drought, cold and high-salinity stresses using a full-length cDNA microarray. *PlantJ.* 31:279–92

SIMON-ARECES, J.; DIETRICH, M. O.; HERMES, G.; GARCIA-SEGURA, L. M.; AREVALO, M. A.; HORVATH, T. L. (2012) UCP2 induced by natural birth regulates neuronal differentiation of the hippocampus and related adult behavior. *PLoS ONE* 7:e42911

SCHIMD M, DAVISON TS, HENZ SR, PAPE UJ, DEMAR M, VINGRON M, SCHÖLKOPF B, WEIGEL D, LOHMANN JU (2005) *Nat Genet* 37:501– 506

SMIRNOFF, N.; BRYANT, J.A. DREB takes the stress out of growing up. *Nature Biotechnology*, New York, v. 17, p. 229-230. 1999.

SMITH, A.M.; RANCLIFFE, R.G.; SWEETLOVE, L.J.; Activation and function of mitochondrial uncoupling protein in plants. *J. Biol. Chem.* v. 279, p. 51944-52, 2004.

SONG ES, DAILY A, FRIED MG, JULIANO MA, JULIANO L, HERSH LB. Mutation of active site residues of insulin-degrading enzyme alters allosteric interactions. *J Biol Chem.* 2005;280(18):17701-6.

SOUZA, G. M.; CARDOSO, V. J. M. 2000. Effects of different environmental stress on seed germination. *Seed Science Technology*, 28(3): 621–630.

STUART, J. A.; HARPER, J. A.; BRINDLE, K. M.; BRAND, M. D. (1999) Uncoupling protein 2 from carp and zebrafish, ectothermic vertebrates. *Biochim.Biophys.Acta* 1413:50–54

SUNG, J.M.; JENG, T.L. Lipid peroxidation and peroxide-scavenging enzymes associated with accelerated aging of peanut seed. *Physiologia Plantarum*, Lund, v.91, p.51-55, 1994.

TAIZ, L.; ZEIGER, E. *Fisiologia vegetal*. 4.ed. Porto Alegre: Artmed, 2004. 819p.

TAMBELINI, M.; PEREZ, S. C. J. G. Efeitos do estresse hídrico simulado com peg (6000) ou manitol na germinação de sementes de barbatimão (*Stryphnodendron polyphyllum* Mart.). *Revista Brasileira de Sementes*, Pelotas, v. 20, n. 1, p. 226-232, 1998.

TAMURA K, PETERSON D, PETERSON N, STECHER G, NEI M, AND KUMAR S (2011) MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. ***Molecular Biology and Evolution*** 28: 2731-2739.

- TIEDE S, CANTZ M, SPRANGER J, BRAULKE T. Missense mutation in the N-acetylglucosamine-1-phosphotransferase gene (GNPTA) in a patient with mucopolisaccharidosis II induces changes in the size and cellular distribution of GNPTG. *Hum Mutat.* 2006;27(8):830-1.
- TOBE, K.; LI, X.; OMASA, K. Seed germination and radicle growth of a halophyte, *Kalidium capsicum* (Chenopodiaceae). *Annals of Botany*, Oxford, v. 85, n. 3, p. 391-396, Mar. 2000.
- TORRES, M. A.; JONES, J. D. G.; DANGL, J. L. (2006) Reactive oxygen species signaling in response to pathogens. *Plant Physiol* 141: 373–378
- UNG MU, LU B, MCCAMMON JA. E230Q mutation of the catalytic subunit of cAMP-dependent protein kinase affects local structure and the binding of peptide inhibitor. *Biopolymers.* 2006;81(6):428-39.
- UEMURA, S. A.; LUO, S.; MORENO, S. N. J.; DOCAMPO, R. 2000. Oxidative phosphorylation, Ca<sup>2+</sup> transport, and fatty acid-induced uncoupling in malaria parasites mitochondria. *J. Biol. Chem.* 275:9709–15
- VAN AKEN O; ZHANG, B, CARRIE C, UGGALLA V, PAYNTER E, GIRAUD E, WHELAN J (2009) *Mol Plant* 2:1310–1324
- VANDESOMPELE J, DE PRETER K, PATTYN F, et al. Accurate normalization of real-time quantitative RT-PCR data by geometric averaging of multiple internal control genes. *Genome Biol* 2002; 3: 18.
- VAN WEES, S. C.; CHANG, H. S.; ZHU, T.; GLAZEBROOK, J. 2003. Characterization of the early response of *Arabidopsis* to *Alternaria brassicicola* infection using expression profiling. *Plant Physiol.* 132:606–17
- VAN WIJK R, RIJKSEN G, HUIZINGA EG, NIEUWENHUIS HK, VAN SOLINGE WW. HK Utrecht: missense mutation in the active site of human hexokinase associated with hexokinase deficiency and severe nonspherocytic hemolytic anemia. *Blood.* 2003;101(1):345-7.
- VENCATO, A. Z., et al. *Anuário Brasileiro da Soja 2010*. Santa Cruz do Sul: Ed. Gazeta Santa Cruz, p. 144, 2010.
- VERCESI, A.E.; MARTINS, I.S.; SILVA, M.A.P.; LEITE, H.M.F.; CUCCOVIA, I.M.; CHAIMOVICH, H. PUMPing plants, *Nature*, v.375, p.24, 1995.
- VERCESI, A.E., BORECKY, J., MAIA, I.G., ARRUDA, P., CUCCOVIA, I.M., CHAIMOVICH, H. Plant Uncoupling Mitochondrial Protein. *Annun. Rev. Plant. Biol.*, v. 57, p. 383-404, 2006.
- VISSER, W.; F., VAN ROERMUND C. W., WATERHAM H. R.; WANDERS R. J. Identification of human PMP34 as a peroxisomal ATP transporter. *Biochem. Biophys. Res. Commun.* v. 299, p. 494–497, 2002.

VETTORE AL, DA SILVA FR, KEMPER EL, et al. 2003. Analysis and functional annotation of an expressed sequence tag collection for tropical crop sugarcane. *Genome Research* 13, 2725–2735.

WALLING, L.; DREWS, G. N.; GOLDBERG, R. B. (1986) *Proc Natl Acad Sci USA* 83:2123–2127

WANG, W.; VINOCUR, B.; SHOSEYOV, O.; ALTMAN, A. Biotechnology of plant osmotic stress tolerance: physiological and molecular considerations. *Acta Horticulturae*, The Hague, v. 560, p. 285-292, 2001.

WATANABE, A.; NAKAZONO, M.; TSUTSUMI, N.; HIRAI, A. AtUCP2: a novel isoform of the mitochondrial uncoupling protein of *Arabidopsis thaliana*. *Plant and Cell Physiol.* . v. 40, p. 1160-1166, 1999.

WHITHAM, S. A.; QUAN, S.; CHANG, H. S.; COOPER, B.; ESTES, B. 2003. Diverse RNA viruses elicit the expression of common sets of genes in susceptible *Arabidopsis thaliana* plants. *Plant J.* 33:271–283

WINKLER, E.; KLINGENBERG, M. Effect of fatty acids on H<sup>+</sup> transport activity of the reconstituted uncoupling protein. *J. Biol. Chem.* v. 269, p. 2508-2515, 1994.

YAMADA Y, BANNO Y, YOSHIDA H, KIKUCHI R, AKAO Y, MURATE T, NOZAWA Y. Catalytic inactivation of human phospholipase D2 by a naturally occurring Gly901Asp mutation. *Arch Med Res.* 2006;37(6):696-9.

YU, X. X.; BARGER, J. L.; BOYER, B. B.; BRAND, M. D.; PAN, G.; ADAMS, S. H. (2000) Impact of endotoxin on UCP homolog mRNA abundance, thermoregulation, and mitochondrial proton leak kinetics. *Am J Physiol endocrinol Metab* 279:e433–e446

ZHU, X.; GONG, H.; CHEN, G.; WANG, S.; ZHANG, C. Different solute levels in two spring wheat cultivars induced by progressive field water stress at different developmental stages. *Journal of Arid Environments*, London, v. 62, p. 1-14, 2005.

ZHU, Y.; LU, J.; CHEN, F.; LENG, F.; LI, H. Regulation of Thermogenesis in Plants: The interaction of Alternative Oxidase and Plant Uncoupling Mitochondrial Protein. *J. Int. Plant Biol.* v. 53 (1), p. 7-13, 2011.

## **APÊNDICES**



**Apêndice 01:** Sequências genômicas anotadas com os genes da família multigênica das UCPs em soja (*Glycine max*), bem como de outras leguminosas (*Cajanus cajan*, *Glycine soja*, *Phaseolus vulgaris*, *Medicago truncatula*, *Cicer arietinum*, *Lupinus angustifolius*, *Vigna angularis*, *Vigna radiata*, *Arachis duranensis* e *Arachis ipaensis*), assim como os seus cDNAs deduzidos e as sequências das proteínas deduzidas.

Legenda:

**CINZA** = região UTR (não traduzida).

**VERDE** = codón de iniciação.

**TURQUESA** = codón de terminação.

**VERMELHO** = junção éxon/éxon.

**SUBLINHADO** = localização dos iniciadores

>Glycine\_max\_UCP1a1 (cDNA deduzido)

```
gactaagcctacagtcatttagagggatacagatgctatacgaaacattaaaaaggaattaaggaaaccg
tgcaagtgtgcaacatgcattgcattctagcaaagcaagtggaccttgccagctcaaggaaattttac
cagacaataaatgagtgagtagtattcagaaacaaaaaccaatagcaatacatttccgatttccgagacag
aggaactactcagcttagcttgagtagtattttcaagaggggatcaaaggggaagaagaagggaggactca
aac ttgcacacgcaaccttgggttcctttcccaacactcaccatggtggcagattctaagtc caattc
cgacctctccttcggaaaaatcctttgccagcagtgctttctctgcatgtttcgctgagggtgtgtaacta
ttcctttggatactgccaaagtgaggcttcagcttcaaaagcaagctgtagctgggtgatgttgtctcc
ttacctaaatataagggatgctgggaacagttggaaaccattgccagggagaaggctctttcagcact
ctggaagggcattgtgccagggttacatcgtcaatgtttgtatggaggcttaagaattgggttatatg
aaccggttaagactttctatgtggggaaagaccatgttggagatgttccattgtcaaagaaaattctt
gctgcatttacaactgggtgcttttgcaattgcagtgggcaaatccaaccgatcttgtcaaagttagact
tcaagctgaaggaaaattacctcctgggtgttcccaggcgctactctggatctttaaagcttattcaa
caattgtgagacaggaaggagttggggctctttggactgggcttggcccaatatagcaagaaatggt
atcatcaatgctgcccgaattagccagctatgatcaagtgaacaagactattttgaaaattccaggatt
cactgacaatggtgtaactcatcttcttgctgggtcttggggcagggtttttcgccgtctgtattggct
cccagttgatgtgggttaagtcgagaatgatgggagattctagttacaagaacacccttgattgtttt
atcaaaacattgaagaatgagggacccttagcctttataaagggttcctccaaattttggacggct
gggatcttggaaatgtgatcatgtttctaaccttagaacaagactaaaaagttcgtcaaagtttagagt
cgtccatgaggcgagttcccgttgagaattttctaaggggactgggttgcaactgcaaatgtagtggaaa
ttgtagaaaataaaggtccctttctcttcattctgctaaccaggatgtgggtcaaacattttttaggg
aggaaaaatttgatagtaaaatgagaatgctattcatatatactagcttttagcaattgccatataatt
ctgtgggattgcatgcagttgtcatgtatttctctttaaactttattatgaaccgagcttggacatgt
cagagattcgtttc
```

>Glycine\_max\_UCP1a1 (proteína deduzida)

```
MVADSKSNSDLSEFGKIFASSAFSACFAEVCTIPLDTAKVRLQLQKQAVAGDVVSLPKYKGLMGTVGTI
AREEGLSALWKGIVPGLHRQCLYGGLRIGLYEPVKTFYVVGKDHVGDVPLSKKILAAFTTGAFIAIVAN
PTDLVKVRLQAEGLPPGVPRRYSGLNAYSTIVRQEGVGALWTGLGPNIARNGIINAAELASYDQVK
```

QTILKIPGFTDNVVTHLLAGLGAGFFAVCIGSPVDVVKSRMMGDSSYKNTLDCF IKTLKNDGPLAFYK  
GFLPNFGRLLGSWNVIMFLTLEQTKKFVKSLESS

>Glycine\_max\_UCP1a2 (cDNA deduzido)

aataaaggagaacaacctaataaaaaaaaaaacagcaaagtcaagcgaagagcaaaaaaccacgtaataca  
acaccaaacaccgaaaaaaaaaggatatactggaaagaagctcaaacatggggacaaccaccgaat  
cacaccttgagtcgaggaaggaagtaaaagagaaagtgaagaaggggaagaaggggaaggactcaaatttg  
cacacgtaacctttgggttcctttcccaacactcaccatggtggcagattctaaagtc**caagtc****caaatccgacct**  
**ctct**ttcggcaaacctttgccagcagtgctttctctgcatggttcgctgaggtgtgtactattcctt  
tggacactgccaaagttaggcttcagcttcaaaagcaagctgcaactggatgtgtactctccttacct  
aaatataagggatgctgggaacagttgcaaccattgccagggagaaggtctttcagcactctggaa  
gggcatgtgcccagggttacatcgtcaatggttgatggaggcttaagaattgggttatatgac**ccc****tg**  
**taagactttctatgtgg**gaaagaccatgttgagatgttccattgtcaaagaaaattcttgctgca  
ttacaact**gg**tgcttttgcaattgcagtggaatccaactgatcttgcaaggttagacttcaagc  
agaaggaaaattacctcctgggtgttcccagggcgtactctggatctttaaattgttatcaacaattg  
tgagacag**gg**aaggagttggggctctttggactgggcttgccccaatatagcaagaaatggatcatc  
aatgctgctgaattagccagctatgatcaagtgaaca**ga**ctattttgaaaattcccggattcactga  
caatggtgtaactcatctccttgctggtcttggggcagggttttttgcggtctgtattggctccccag  
ttgatgt**gg**taagtcaagaatgatgggagattctagttacaggaacacccttgattgttttatcaaa  
acattgaagaatgat**gg**gacccttagccttttataaaaggttccctcccaattttggacggctgggac  
ttggaatgtgatcatgtttctaaccttagaacag**ga**ctaaaaggttcgtaaaagtttagagttgtcct  
**ga**gctgagttatcttgagaattttctatggggactgggttgcaattgcaaatgcagtggaatgtgtg  
aaataaaggtcctttctcttcatctgccaaccaggatgtggtcaaacttttttagggaggaaaa  
aatggatagtaaatgataatgttattcatatatactagcttttagcaattgccatataattctgt  
gggattgcatgcagttttcatatgattctctttaactttattatgaaccgagcttggacatgccatg  
cgatt

>Glycine\_max\_UCP1a2 (proteína deduzida)

MVADSKSKSDLSFGKTFASSAFSACFAEVCTIPLDTAKVRLQLQKQAATGDVVS LPKYKMLGTVATI  
AREEGLSALWKGIVPGLHRQCLYGGLRIGLYDPVKTFYVVGKDHVGDVPLSKKILAAFTTGAFIAVAN  
PTDLVKVRLQAEGKLPPGVPRRYSGLNAYSTIVRQEGV GALWTGLGPNIARNGI INAAELASYDQVK  
QTILKIPGFTDNVVTHLLAGLGAGFFAVCIGSPVDVVKSRMMGDSSYRNTLDCF IKTLKNDGPLAFYK  
GFLPNFGRLLGSWNVIMFLTLEQTKRFVKSLELS

>Glycine\_max\_UCP1b1 (cDNA deduzido) Splicing alternativo

cttgccttgaacttcactgctcgttacgccaacaccatttttttctctcctctgaagccattttt  
tcttcttctctttttgggttcctattccttcttcaattatctctcttctcatttagttgtgaacattttt  
tcggctcctgctgaagca**atg**gtggcgggtggcaattccaaatccgacatctcctttgctggcacttac  
gctagcagtgctttcgtgcatggttcgccga**gg**gtgtgtactcttcttggacaccgccaaggttag  
gcttcagcttcaaaaacaagctgtagttggatgtggtgaccttacctaataataggggtttgctgg  
gaacggttggaaccattgccagggagaaggtctttcagcactctggaaggggattgtgccagggcta  
catcgtcaatgttgaaatgggtggtttaagaattgcgttatatgagcc**tg**taagaatttctatgttgg  
gcctgaccatggtggagatgttccattgtttaagaaaattctcgtggatttacaact**gg**tgctatgg  
caattgcagtggcgaatccaactgatcttgtgaaagtttagacttcaagcagaaggaaaattacctcct  
gggtgcccaggcggttactctggatcattaatgcttattcaacaattgt**tgagaca****ggaaggagt**tg  
agcactttggactgggattgggtcccaacatagcaagaaatggcatcattaatgctgctgaactagcca  
gctatgatcaagtaaaaca**ga**ctattttgaaaattcctggattcaccgacaatgttgtaactcacctt  
cttgcctggtctaggagcaggatttttgcagctctgtgtggctcccctggtgatgt**gg**taagtgcag  
aatgatgggagattcgagttacaaaagcacccttgattgtttcgttaagacattaaaaatgat**gg**gac  
ctttgccttttataaggggttcataccaaattttggacggctaggatcttggaaatgtgatcatgttt  
ctaactctagaacaggtacaagttgaatactttgtgatagctttccattttt**cctttccttcttatca**  
**cctatctc**atggaattctagtttattttatagcatacttgcctgctgcggttagaggt**tag**aagacc  
aaaatttgcaaaaacaatttttttatttagtatcaagattgctaattgtatgataatggtttaggaagc  
atcttggcaaacatagagctgcttctttcaagataaaaacccttctccaaactcacttctttaacttt  
ggcttcataattcataatactcacacttaccttttctatcctataactttca

>Glycine\_max\_UCP1b1 Splicing alternativo (proteína deduzida)

MVAGGNSKSDISFAGTYASSAFAACFAEVCTLPLDTAKVRLQLQKQAVVGDVVTLPKYRGLLGTVGTI  
AREEGLSALWKGIVPGLHRQCLNGGLRIALYEPVKNFYVGPDPHVDVPLFKKILAGFTTGAMAIAVAN  
PTDLVKVRLQAEGKLPPGVPRRYSGLNAYSTIVRQEGVGALWTGIGPNIARNGI INAAELASYDQVK  
QTILKIPGFTDNVVTLLAGLGAGFFAVCVGSPVDVVKSRMMGDSSYKSTLDCFVKTLKNDGPFAYK  
GFIPNFGRLGSWNVIMFLTLEQVQVEYFVIAFHFSFPSYHLSHGILVYFYFYSILVCCGRG

>Glycine\_max\_UCP1b1 (cDNA deduzido)

cttgccttgaaacttcaactgctcgttacgccaaacaccatttttttctcttctctgaagccattttt  
tcttcttctcttttttggttctctattccttcttcaattatctctcttctcatttagttgtgaacattttt  
tcggtctcgtcgaagcaatggtggcgggtggcaattccaaatccgacatctcctttgctggcacttac  
gctagcagtgctttcgctgcatgtttcgccgaagggtgtgactcttcttggacaccgccaaggttag  
gcttcagcttcaaaaacaagctgtagttggtgatgtggtgaccttacctaaatataggggtttgctgg  
gaacggttgaaccattgccagggagaaggtctttcagcactctggaaggggattgtgccagggcta  
catcgccaatggttgaatggtggtttaagaattgcggttatatgagccggttaagaatttctatggtgg  
gcctgaccatggtggagatgttccattgtttaagaaaattctcgctggatttacaactggtgctatgg  
caattgcagtggtgaatccaactgatcttgtgaaagtttagacttcaagcagaaggaaaattacctct  
ggtgtgccagggcgttactctggatcattaaatgcttattcaacaattgtgagacaggaaggagttgg  
agcactttggactgggattggtcccaacatagcaagaaatggcatcattaatgctgctgaactagcca  
gctatgatcaagtaaaacagactattttgaaaattcctggattcaccgacaatggtgtaactcacctt  
cttgctggtctaggagcaggattttttgagctctgtgttggtctccctggtgatgtggttaagtcgag  
aatgatgggagattcgagttacaaaagcacccttgattgtttcgttaagacattaaaaaatgatgac  
cttttgccctttataaggggttcataccaaattttggacggctaggatcttggaatgtgatcatggtt  
ctaactctagaacaagctaaaaagtttgtcaaaactttagaatcagcttgacttcaacaattatca  
gtagatttttttttggaggagactccctggatgcaatggaaattgtcaacaaaataaaaacttctc  
ttcattttgtaattgaaatgtatcaaacattttttgctgggggaaatttgaagtattaataaatta  
gaagagctatgccatctccctgcaattttaaattttatttgttgggcttgggcttgggctgggacttg  
ggcatgggaacttctttaaagtcgaagcctagcagtatgtttccatatctaagtgaatatcagct  
tatgctttttttta

>Glycine\_max\_UCP1b1 (proteína deduzida)

MVAGGNSKSDISFAGTYASSAFAACFAEVCTLPLDTAKVRLQLQKQAVVGDVVTLPKYRGLLGTVGTI  
AREEGLSALWKGIVPGLHRQCLNGGLRIALYEPVKNFYVGPDPHVDVPLFKKILAGFTTGAMAIAVAN  
PTDLVKVRLQAEGKLPPGVPRRYSGLNAYSTIVRQEGVGALWTGIGPNIARNGI INAAELASYDQVK  
QTILKIPGFTDNVVTLLAGLGAGFFAVCVGSPVDVVKSRMMGDSSYKSTLDCFVKTLKNDGPFAYK  
GFIPNFGRLGSWNVIMFLTLEQAKKFVKTLESA

>Glycine\_max\_UCP1b2 (cDNA deduzido)

cttgccttgagcgttccattcactgccggttacgccaaacaccattttttctcttctctgaagccatt  
ttttcttcttctttttttggttctctattccttcttcaattctctctcttcaatttagtagtaaacatt  
tttttggcctcgttgaagcaatggtggggggtggcaattccaaatccgatctcctttgctggcact  
tacgctagcagtgctttcgctgcatgtttcgccgaagggtgtgactcttcttggacactgctaaagt  
taggcttcagcttcaaaaacaggcagctacttgggtgatgacgtgaccttacctagatataggggtttgc  
tgggaacgggttgaaccattgccagggagaaggtttttcagcactctggaaggggattgtgccaggg  
ctacatcgtcaatgtttgaaatggggggttaagaattgcggttatatgagccggttaagaatttctatgt  
tggggctgacctggtggagatgttccattgtctaagaaaattctcgctggatttacaactggtgcta  
tggcaattgcagtggtcaaatccaactgatcttgtgaaagtttagacttcaagcagaaggaaaattgct

cctggcgtgcccaagcgctactctggatcattaaatgcttattcaacaattatgagaca<sup>gg</sup>aaggagt  
 tggagcactttggactgggattgggtcccaacatagcaaggaatgggtattattaatgctgctgaactag  
 ccagctatgatcaagtgaaaca<sup>ga</sup>ctattttgaaaattcctggattcaccgacaatggtgtaactcac  
 ctcttgctggcttaggagcaggatTTTTTgcagctctgtgctggctccctggttgatgt<sup>gg</sup>ttaagtc  
 gagaatgatgggagattcaagttacaaaagcacccttgattggtttcattaagacattaaaaaatga<sup>tg</sup>  
 gacTTTTTgcttttatatggggttcataccaaatTTTggacggctaggatcttggaatgtgatcatg  
 TTTTaaactctagaaca<sup>gg</sup>ctaaaaaattcgtcaaaagtttagaatcagct<sup>tga</sup>ctcaaaaaactt  
 atcagtagaattTTTTTgaggagactcccccaaatgcaatggaaattgtcaagtaaaaaacttgtcttca  
 TTTTgttaattggaacgtaccaaacaatTTTTTTggggggggggggaattttagtagtaataaatga  
 gaagagctatgcatccccctgcaattTaaaatTTTattagttgggtctggggttgggcttgggcttg  
 ggcatagggacttctTTTaaaagtccaagcctagcagtatgtttccatatccaagtgaaataagctt  
 agcatatgctTTTTTTa

>Glycine\_max\_UCP1b2 (proteína deduzida)

MVGGGNSKSDISFAGTYASSAFAACFAEVCTLPLDTAKVRLQLQKQAVLGDVTLPRYRGLLGTVGTI  
 AREEGFSALWKGIVPGLHRQCLNGGLRIALYEPVKNFYVGDHVGDVPLSKKILAGFTTGAMAIAVAN  
 PDLVKVRLQAEGKLPPGVPKRYSGSLNAYSTIMRQEGVGLWTGIGPNIARNGI INAAELASYDQVK  
 QTILKIPGF TDNVVTHLLAGLGAGFFAVCAGSPVDVVKSRMMGDSSYKSTLDCFIKTLKNDGPF AFYM  
 GFIPNFGRLGSWNVIMFLTLEQAKKFVKSLESA

>Glycine\_max\_UCP2 (cDNA deduzido)

gggtagTTTTtctaattacttaacatgattcacatcaatttctctctgtgtcctaaccactctatcttgg  
 agtgtgaaagtaacgcaactaacaccacacctatatattaatttaccgtgaactcgttgaaagattt  
 aacccaaagtggttgcttgcaagttgctgtaatgctactactctccttcagcttcttaactactctc  
 acccaacccttctctctctctcttaccagcgtcaaca<sup>atg</sup>tcagatccgtaccagatttctgttcg  
 ctcaagccttctgtgcaagcgttctgcccgtgtttcgcgga<sup>gt</sup>tttgactattcctctggacaca  
 gctaaggtcaggcttcaactccaaa<sup>aagaaggtagggattgatgatgg</sup>agtggggttacctaaatacaa  
 gggtttgctggg<sup>cacagttaagaccattgctagaga</sup>aagagggatatcagctctgtggaaaggcattg  
 ttctgggttacaccgccaatgtttatataggaggttaagaattgggttatatgatcc<sup>tg</sup>tgaaaaca  
 TTTctgttggtagtgcaattggtggagaggttccattataccatatgatattggctgctctgctgac  
 t<sup>gg</sup>tgctttggcaatcacaattgctaatacactgatctagtc aaagtaggcttcaagctgaaggtc  
 aattgccaaactggggtacctaagcgttattctgggtgctatagatgcataTTTaaactatactgagaca<sup>a</sup>  
<sup>ga</sup>aaggataggggcttgtggacaggtcttggggccaatatagcaaggaatgcaattataaatgctgc  
 ggaattggctagctatgataaagtgaaacg<sup>ga</sup>cgattttgaaaattccagggttcatggacaatgtct  
 atactcacctactcgctggcttaggtgcaggtctTTTTgtgtctttatTgggtctcctggttgatgt<sup>g</sup>  
<sup>gt</sup>gaaatccaggatgatgggggattcaacctacaaaagcacattTgaatgctttctcaagactttgct  
 taatga<sup>gg</sup>gattTTTTTggccttctataaaggTTTccttccctaatTTTtagtcgagtaggagcctggaatg  
 tgattatgTTTcttacccttgaaca<sup>ag</sup>caaagagagttataagaggat<sup>taa</sup>ttggttgtagttgttact  
 ctcatgattgagattcaccaagcaaatTtagtgTTTctTTTTTggggtgagtgctactgctatcagatg  
 aacaacagattTgtagcagaaaggtggTTTTTctacattacttctgccgtgtggatggacgtcacg  
 ctcatatattcttagtcgatgaataaacctgcaaatTaccattgtctcctacttgggcatgtggac  
 gccacaattaaaacattctTggctacaatgaatagaccgtgaaattacattTacttgaaggcattTca  
 ctgtactggatcgatatgtaatgtatTTTTTgggaaataagttgcgtattTccaactcattgaataga  
 caaatgaaatgaacatgtatgaatactTtagagtatagcttattacttattcaaa

>Glycine\_max\_UCP2 (proteína deduzida)

MSDPYQISFAQAF LCSAFAACFAEFCTIPLDTAKVRLQLQKKVGIDDGVL PKYKGLLGTVKTIAREE  
 GISALWKGIVPGLHRQCLYGLRIGLYDPVKTFVLVGSFAFVGEVPLYHMILAALLTGALAITIANPTDL  
 VKVRLQAEGQLPTGVPKRYSGAIDAYLTI LRQEGIGALWTGLGANIARNAI INAAELASYDKVKRTIL  
 KIPGFMDNVYTHLLAGLGAGLFAVFIGSPVDVVKSRMMGDSTYKSTFECFLKTL LNEGFLAFYKGF L P  
 NFSRVGAWNIMFLTLEQAKRVIRG

>Glycine\_max\_UCP3 (cDNA deduzido)

ggtgcgatagaacaggttcggataaactgaaccgtgtcagtggtcatcatcgactgctccaaatgg  
 ccgaggtaattttgaatctaactcgtggaatccatgatgcctgatgggta**gg**aatcattgcagccaaaa  
 gacatcataccagttcctggtttccttgattgtcttagaagaacaaacagccttgcatatcttttgg  
 ggtgagtttaggtctttcttgaatgtacc**atg**aaatcaggctatcaacacggtggagttagatattact  
 cacactaaggcctttctaacatcactgtcagctatggaggctgagaccacaactttcccatagatt  
 gatcaagaccaggctccaactccatggcgagtcactttcctcgagtcaccccactagtgcatttcgag  
 taggcttgggcattattcgtgaacaagggtgcccttggcctttacagtggcctgtcaccagcaattatt  
 agacacatgttctactcgctatttgaattggtgggtatgagaacctgagaaatggtgtttctgttga  
 taatgcttcgttctctatcgttggcaaggctgtagttggggaatctctgggtgtcttggctcag**gg**ta  
 tagccagcccagctgatcttgtcaaggtaggatgcaagctgatggccaaagggtagccaaggctct  
 caaccccggtattcggggccatttgatgcttaaacaaaattgt**tcgctgctgaaggatttcaagga**tt  
 gtggaaggggtgttttccataatccaaagagccttcttagtgaacatgggagaattagcctgttatg  
 atcatgctaaacaatttgttattagaagtaggatagctgatgacaatgtttttgcccacacttttgc  
 tccatcat**gtcaggtttagcggcaacg**tctttagctgcccggctgatggttgtgaagactagaatgat  
 gaatcaggcagctaaaaaggaagggaaagtcttatataatagctcttatgattgcttggggaagaca  
 ttaaagttgaaggaataagagcattgtggaaaggattctccccacatgggcaaggcttggccatgg  
 caatttgtgttctgggtttcctatgagaagttcaggaaatttgcagggctctcttcttct**taa**tataa  
 cttttatttatttatttatactagcactcattcatccataataaattcacaagtcacagcctacagg  
 gtactaacaccagatttataatttttctcaacttttagctcagtgataacttttttgagataaactac  
 attactctttcctaagaagattatattatact

>Glycine\_max\_UCP3 (proteína deduzida)

MKSGYQHGGVDIHTKAFLTSLSAMVAETTTFPIDLIKTRLQLHGESLSSSHPTSAFRVGLGIIREQG  
 ALGLYSGLSPAIRHMFYSPIRIVGYENLRNVSVDNASFSIVGKAVVGGISGVLAQVIASPADLVKV  
 RMQADGQRVSQGLQPRYSGFDFALNKIVRAEGFQGLWKGVFPNIQRAFLVNMGELACYDHAKQFVIRS  
 RIADDNVFAHTFASIMSGLAATSLSCPADVVKTRMMNQAAKKEGKVLNSSYDCLVKTIKVEGIRALW  
 KGFFPTWARLGPWQFVFWVSYEKFRKFAGLSSF

>Glycine\_max\_UCP4a (cDNA deduzido)

ttcagcatatgtctcaaaggcccacgggtcctcactcctcttccatagcctgcggccttcaactcctcat  
 ctctgggtctccagtgagatgaaccctagctccaattgggtccctttaatcaattacctcttaattagt  
 aattacttaatctcaattagcctttcactctcccacacaacaacatc**atg**ggcgtcaaagggttttgtc  
 gaaggaggcatcgcttccatcattgcaggatggtccacacaccacttgatctcatcaagggtccgcat  
 gcagcttcagggcgaaaacaatttgcccaaaccgggtcaaaatctccgaccgcactcgcttccaaa  
 ccggttcgaccgtccacgtggcagcggctattccgcagaccgcggtgggtcccatcgcggttgggggt  
 cgctcgtccagcaagaaggccttgcggccttgttctccggcgtctccgccactgtcctccgccagac  
 gctctactccaccaccgctatgggcctctacgacgtcctcaagaccaagtggaaccgactccgtcaccg  
 gcaccatgccgctcagccgcaagatcgaggcgggtctcatcgccgggtggcatcggcgccgctgggg  
 aaccccgccgacgtggccatggtccgaatgcaggcagacgggcgctcctccggcacagcggcgcaa  
 ctacaagtccgtcgtggacgccatcacgcgaatggcgaagcaagaaggcgtcactagcctttggagag  
 gctcatcgcttacgggtgaaccgcgccatgctcgtgacggcgtcgcagctcgcgtc**gtacgaccagttc**  
**aaagaaac**gatcttgagaacggcatgatgcgcgacgggtcgggacccatgtcacggcgagcttcgc  
 ggcgggttcgtggcggcggtggcgtcgaacccgctcgacgtgatcaagac**gaggggtgatgaacatga**  
**gg**gtggagcccggggcgacgcccctacgcccggcgcttagattgtgctctgaagactgtgcgcgcg  
 gaggggtcccatggcgctttataaggggttatttctacgatctcgaggcagggaccgttcaactgtggt  
 gctgctcgtgacactggaacaggttcgcaagttgcttaaggatttct**ga**tgaggatgatgacgagaag

atgtatgctactttccttttcaataagatgctttttctgtttggttatgttttaatagtactagtga  
tgtagttctaggatggcaattttgttattctattaatcaatgagaagtgctgtttatttccgaatt

>Glycine\_max\_UCP4a (proteína deduzida)

MGVKGFVEGGIASIIAGCSTHPLDLIKVRMQLQGENNLPKPVQNLRLPALAFQTGSTVHVAAAIPQTRV  
GPIAVGVRLVQQEGLAALFSGVSATVLRQTLYSTTRMGLYDVLKTKWTDSDVTGTMPLSRKIEAGLIAG  
GIGAAVGNPADVAMVRMQADGRLPPAQRNRYKSVVDAITRMAKQEGVTSLWRGSSLTVNRAMLVTSQ  
LASYDQFKETILENGMMRDGLGTHVTASFAAGFVAAVASNPVDVIKTRVMNMRVEPGATPPYAGALDC  
ALKTVRAEGPMALYKGFIPITISRQGPFTVVLFVTLEQVRKLLKDF

>Glycine\_max\_UCP4b (cDNA deduzido)

atcgtttattcagcatatgtctcaaaggccacgattcctcactcttcttccatagcctgcgcccttc  
actctcatctcctggtctccagtgagatgaaccctagctccaattgggtccattagttacctctttcc  
tgcatctcatatataccattctttctcattcacacagcatcatgggcgtcaaaggttttgttgaagga  
ggcatcgcttccatcatcgcaggatgttccacacaccacttgatctcatcaaggtccgcatgcagct  
ccaggggtgaaaacaatttgccaaaccggttcaaaatctccgaccgcactcgcttccaaaccggtt  
cgaccctacacgtggcagctgcagttccgcccgcgcgctgggcccacatctcggttgggggttcgcctc  
gtccagcaagaggcctcgccgcttgttctccggcgtctccgcccactcctccgcccagacgctcta  
ctccaccaccgcgcatgggctctacgacgtgctcaagaccaagtggaccgactccgtcaccggcacca  
tgccactcggaaaaaagatcgaggccgggctcatcgccggcggcatcggcgcgcgctgggaaacccc  
gccgacgtggcgtggtccgaatgcaggccgacggccgctccctccggcgcagcggcgcgaactaaa  
gtccgttgtggacgccatcacgcgaatggcgaagcaagaggcgtcactagcctgtggagaggctcat  
cgcttacggtgaaccgcgccatgctcgtgacggcgtcgacgctggcttctacgaccagttcaaagaa  
atgattctcgagaacggcgtgatgcgcgacggcctcgggaccacgctcacggcagcttccgcccggg  
gttcgtggcggcgggtggcgtccaaccccatcgacgtgatcaagaccagggtgatgaacatgagggtg  
agcccggggaggcgcgcgctacgcccggcgcgcttgattgtgctctgaagacgggtgcgcgcccggggt  
ccatggcgtttataagggttttattcctacgatctcaaggcagggaccggttactgttgtgctgtt  
cgtgactctggaacaggttcgcaagttgcttaaggatttctgatgatgacgaagatgatgctacttt  
cattttcaataagatgcgcttttgtgtttgtcttgtgctctaataactagtgatgtagttctggaatggt  
aattttgttattctattaatcaatgagaagcacacattattctccgaatt

>Glycine\_max\_UCP4b (proteína deduzida)

MGVKGFVEGGIASIIAGCSTHPLDLIKVRMQLQGENNLPKPVQNLRLPALAFQTGSTLVHAAVPPPRV  
GPISVGVRLVQQEGLAALFSGVSATVLRQTLYSTTRMGLYDVLKTKWTDSDVTGTMPGKKEIAGLIAG  
GIGAAVGNPADVAMVRMQADGRLPPAQRNRYKSVVDAITRMAKQEGVTSLWRGSSLTVNRAMLVTSQ  
LASYDQFKEMILENGVMRDGLGTHVTASFAAGFVAAVASNPIDVIKTRVMNMRVEPGEAPPYAGALDC  
ALKTVRAEGPMALYKGFIPITISRQGPFTVVLFVTLEQVRKLLKDF

>Glycine\_max\_UCP5a (cDNA deduzido)

ttacttttggttgaattcaatatgagtccttaaggatttttccgagggtggtgtcgcttccatcgctcg  
caggctgcaccactcaccactcgacctcatcaaagttcgaatgcaacttcaagaaaccacactctc  
cgcccagcctttgcctttcacgcttcccactccaatgcctcctcgcccgcctccggccccatctccgt  
cggcctccgcatcgttcagtcggaggactcgcccgtcttttctccggcgtctccgccaccgctcctcc  
gccagacgctctactccaccaccgcgcatgggctctacgacgtcctcaagcgcactggaccgacccc  
gaccgcggaaccatgccctcacaagaaaaatcacggccgggctcgtcgccggcgggatcggagccgc  
cgtgggcaaccccgcgacgtggcgtggaatgcaggccgacgggcccctcccgccggcgggagc  
gtcgcaactacaacggcgtgttcgacgcgatacggcgcgatgagtaaccaagaaggcgttggtagcctg  
tggcgcggttcagcgttacggtgaaccgcgcatgatcgttacggcttctcagttggcctcgtacga  
ccagtttaaggaaagcattttaggacgcggctggatggaggacgggcttgggacccacgtgttagcga  
gttttgcggcgggttttgtggcctcgattgcgtcgaacccattgatgtataaagactaggggtgatg  
aacatgaaggctgaggcttacaatggggccttgattgtgctctcaagactgtagggccgaaggacc

tcttgccctttataagggtttcatccctacaatttcaaggcagggtcctttcacggtgtcctctttg  
 tcaccctcgaacaagt caggaagctcttcaaggacttttgaattttttattcattcggacaccttctc  
 accattcactaatcgatattcattctctaatgggttgagatacatattcattctttttttttttttt  
 agggattagttattgaggttttggaaactttcgatgactaccttcttgagattcatatatgattattct  
 aatttcatcaaataatattaccaacaatgtaaacaattaactggtatagaatt

>Glycine\_max\_UCP5a (proteína deduzida)

MSLKGFVEGGVASIVAGCTTHPLDLIKVRMQLQETHTLRPAFAFHAPTPMPPPPSPGISVGLRIVQS  
 EGLAALFSGVSATVLRQTLYSTTRMGLYDVLKRHWTDPRGTMPLTRKITAGLVAGGIGAAVGNPADV  
 AMVRMQADGRLPPAERRNYNGVFDAIRMSNQEGVGSLSLWRGSLTVNRAMIVTASQLASYDQFKESIL  
 GRGW MEDGLGTHVLASFAAGFVASIASNPIDVIKTRVMNMKAEAYNGALDCALKTVRAEGPLALYKGF  
 IPTISRQGPFTVVLVFTLEQVRKLFKDF

>Glycine\_max\_UCP5b (cDNA deduzido)

tctcagcatatgtcttaaaggcctaacggtcctcattcttgttccatagccttccgatcttcattccca  
 ccttttgggtctctagtgagatgaacccaaactccaattggctcctcttgaatccaaacctttaattat  
 acattccattcttttttttttttcccttcaaaattttcccgaaaattctctctgagaaaatcaaccat  
 taccacttctttaattccattgattcttttaaaaataacaatctttttcacgtaacttgaaatgggt  
 gtcaaaggttctcgcgaaggagcattgcttctgtgatcgcagggtgtccacacacctcttgatct  
 catcaaggtagaatgcagcttcaaggagagaccagcaacctcgaatctccgacctcactcgcct  
 tcaccctagctccgtccacgcgcccgcagccggcgccaaggagggtccattgcccgtcggagtt  
 aagttagtccaacaagaaggcgtggcgcgctttctccggcgtctccgccacctcctccgccagct  
 tctctactccaccactcgcgatgggactctacgagggtgctcaagaagaaatggtccgatcccaattctg  
 ccggaggcaccttgtcgcctatctcgttaagataacggcagggttaatttctgggtggaatcggcgcagtc  
 gttggaaatcccgcgatgtagccatggctccgcgatgcaggccgacggaagacttccgccgatccgaca  
 acggaattataaatccgctccttgacgccatcgcaaggatgacaaaagacgagggcatcactagcttat  
 ggctgggttcatcgtaaacagtgaaaccgcgcatgtagtgacggcctcgcagctcgttcttacgac  
 cagttcaaggagatgatttggaaaagggtgtaatgcgtgatggctcttgggacccatgtaacgtcgag  
 tttcgcagcggggttggggcggcggttacgctcgaaccccgttgacgtgatcaagactaggggtgatga  
 acatgaaggtggaacctggggcggcgcccgctattccggcgcactggattgccccttgaagacggta  
 cgcaagagggcccatggctctttacaaaggctttattcccacgatttcgagacaaggaccttcaac  
 tgttgttttgtcgtcacggttagaacagggtcgaaggtgcttaaggatttc taagtaggataatgat  
 gatgacgaagaagaatatgttt

>Glycine\_max\_UCP5b (proteína deduzida)

MGVKGFVEGGIASVIAGCSTHPLDLIKVRMQLQGETQQPSNLRPALAFHPSSVHAPPQPAAKEGPIAV  
 GVKLVQOEGVAALFSGVSATVLRQLLYSTTRMGLYEVLLKKKWSDPNSAGGTLSLSRKITAGLISGGIG  
 AVVGNPADVAMVRMQADGRLPPIRQRNYKSVLDAIARMTKDEGITSLWRGSSSLTVNRAMLVTASQLAS  
 YDQFKEMILEKGVMRDGLGTHVTSSFAAGFVAAVTSNPVDVIKTRVMNMKVEPGAAPPYSGALDCALK  
 TVRKEGPMALYKGF IPTISRQGPFTVVLVFTLEQVRKLLKDF

>Cajanus\_cajan\_UCP1a (cDNA deduzido)

actgcattttggaacacaataaatgttaattcagaaaccaaacacccaaaatccaaaacacacttccaa  
 attccagacacaaactgagcttgagcctttcaaaaagggatcaaatgtcacacgcaacctttgatct  
 ctttcccaccatgggtggcagattctaaagtccaatccgacctctccttctccaaaacctttgccagca  
 gtgctttctctgcatgtttcgtgaggtatgtactattcctttggacactgccaaagttaggcttcaa  
 ctcaaaaacaagctgtagctgggtgtagtctccttacctaataataagggtatgctgggaacagtt  
 ggcaaccattgctagagaagaaggctcttcagctcctcggaggggcatgtgcccagggttacatcgtc  
 aatggttgatggaggtttaagaattgggttatatgagccagtttaagacttctatgtgggaaaggac  
 catggtggagatgttccattgtcgaagaaaatcttctgctgcatttacaactgggtgctgtggcaattgc  
 agtggcaaatccaactgatctgggtcaaagttagacttcaggcagaagggaatcaccacctgggtgttc  
 ccagacgctactctggatctttaaatgcttattcaacaattgtgagacaaggagggttcgggctctt  
 tggactgggcttggccccaatatagcaagaaatgctatcatcaatgctgctgaattagccagctatga  
 tcaagtgaagcaactattttgaaaattccaggattcactgacaatgttgttactcatctccttgctg

gtcttggggcagggttttttgctgtctgtattggctcccagttgatgtggttaaatcgagaatgatg  
 ggagattctagttacaagagcactcttgattgttttatcaaaacattaaagaatgatcgaccctttgc  
 ttttataaaagggttccctcccaaactttggacggctgggatccttggaatgtgatcatgtttctaact  
 tagaacagactaaaaagttcgtcaaaagtttagagtcgtcc<sup>ga</sup>gttctgttttcttgagattttta  
 aggggattgggtgcaactgcaaatgtagcggaaacttgtgggaaataaaggctccatctctcttcatt  
 ctactaacctggatggagtcaaacaccttttagggagaagaaaatgaaagtaaaccgagaatgttat  
 tcaaatatactagcttttagcaattgccaactctctgttaggattgaatgctgtttccatgcaattct  
 cttcaatttttatatgaaccgagcttggacatgcgatt

>Cajanus\_cajan\_UCP1a (proteína deduzida)

MVADSKSKSDLFSKTFASSAFSACFAEVCTIPLDTAKVRLQLQKQAVAGDVVSLPKYKGLMGTVATI  
 AREEGLSALWKGIVPGLHRQCLYGGLRIGLYEPVKTFYVVGKDHVGDVPLSKKILAAFTTGAVAIIVAN  
 PTDLVKVRLQAEGKLPPGVPRRYSGLNAYSTIVRQEGVRALWTGLGPNIAARNAINAAELASYDQVK  
 QTILKIPGFDTNVVTHLLAGLGAGFFAVCIGSPVDVVKSRMMGDSSYKSTLDCFIKTLKNDGPFAYK  
 GFLPNFGRLLGSWNVIMFLTLEQTKKFVKSLESS

Cajanus\_cajan\_UCP1b - possível splicing (cDNA deduzido)

agtttcattgccactgtcccaacaccattttttcttttctctgaggccattattacttcttcttct  
 tcttcttattctttcttccattctctcttctgtaatttgtccgtatacattttttgggctcttggaa  
 caat<sup>ga</sup>gtgggtgggtggcaattccaaatccgacatctccttcgctggcacattcggccagcagtgctttc  
 gctgcatgtttcgccga<sup>gg</sup>tgtgtaactattcctttggacactgccaaagttaggcttcagcttcaaaa  
 acaggttatagttgggtgatgcagtgaccttacctaaatataaggggtttgatgggaacgggttgaacca  
 ttgccagagaagaaggtcttgcagcactctggaaggggattgtgcccagggtacatcgtcaatgtttg  
 aatgggtgggttgagaattgcttatatgagcc<sup>tg</sup>taagaatttctatgttggagctgacctatgttg  
 agatgttccattgtacaagaaaattcttctgctggatttacaact<sup>gg</sup>tgctatagcaatttcagtgccca  
 atccaactgatcttgtgaaagtccagacttcaagcagaaggaaaattacctaccgggtgtgcctaggcgc  
 tactctggatcattaaatgcttattcaacaattgtgagacag<sup>gg</sup>aaggagttggagcgcctttggactgg  
 aattgggtccaacatagcaagaaatgggatcattaacgctgctgaactagccagctatgatcaagtga  
 aaca<sup>ga</sup>ctattttgaaaattccaggattcaccgacaatgttgtcactcatcttcttctgctggcttaggg  
 gcaggggtttttgtagtctgtgttggctccctgtcagatgt<sup>gg</sup>taagtcgagaatgatgggagattc  
 tagttacaaaagcacccttgattgtttcgtcaagacattaaaaaatga<sup>tg</sup>gaccttttgcttttata  
 aggggttcataccaaattttggacgggttaggatcttggaaatgtgataatgttcttgactctagaaca<sup>g</sup>  
<sup>gt</sup>tacaagttgaataa<sup>aa</sup>tttgtgatagctttccattttacctttacattttatcacctcctatctcaagg  
 aattctagtttattttcatggcataatcgtctgttgcggttagaggttagaaaacccaaactttgcaaa  
 aagtaatctttgtatttaataatcaagattgataaaggttggaaagcatcttgccaaactattttct  
 gcttctcaaacataaaaacccttctccaaactcacttctcaaccttttctaaggtcatatttggcttca  
 tatgtatcaaacctcacactttccttcttctccttaacttcca

>Cajanus\_cajan\_UCP1b (cDNA deduzido)

agtttcattgccactgtcccaacaccattttttcttttctctgaggccattattacttcttcttct  
 tcttcttattctttcttccattctctcttctgtaatttgtccgtatacattttttgggctcttggaa  
 caat<sup>ga</sup>gtgggtgggtggcaattccaaatccgacatctccttcgctggcacattcggccagcagtgctttc  
 gctgcatgtttcgccga<sup>gg</sup>tgtgtaactattcctttggacactgccaaagttaggcttcagcttcaaaa  
 acaggttatagttgggtgatgcagtgaccttacctaaatataaggggtttgatgggaacgggttgaacca  
 ttgccagagaagaaggtcttgcagcactctggaaggggattgtgcccagggtacatcgtcaatgtttg  
 aatgggtgggttgagaattgcttatatgagcc<sup>tg</sup>taagaatttctatgttggagctgacctatgttg  
 agatgttccattgtacaagaaaattcttctgctggatttacaact<sup>gg</sup>tgctatagcaatttcagtgccca  
 atccaactgatcttgtgaaagtccagacttcaagcagaaggaaaattacctaccgggtgtgcctaggcgc  
 tactctggatcattaaatgcttattcaacaattgtgagacag<sup>gg</sup>aaggagttggagcgcctttggactgg  
 aattgggtccaacatagcaagaaatgggatcattaacgctgctgaactagccagctatgatcaagtga  
 aaca<sup>ga</sup>ctattttgaaaattccaggattcaccgacaatgttgtcactcatcttcttctgctggcttaggg  
 gcaggggtttttgtagtctgtgttggctccctgtcagatgt<sup>gg</sup>taagtcgagaatgatgggagattc  
 tagttacaaaagcacccttgattgtttcgtcaagacattaaaaaatga<sup>tg</sup>gaccttttgcttttata  
 aggggttcataccaaattttggacgggttaggatcttggaaatgtgataatgttcttgactctagaaca<sup>g</sup>  
<sup>g</sup>ctaaaaagttcgtcaaaagcttagaatcagct<sup>ga</sup>gctcaaacagttatcagtagaatttttttag



gagactctgcccccaactgcaatggaaattctcgagaaaataaagcttctcttcattgtgttagttga  
aatgtatcaaaacattttatttttttggaggaaaatgtagtaataatgagaatagctttgtgatctct  
ctgtaactcggataaaaattttattattagttgggcttgggcatggggactccctttaaatttgatgcg  
gtccaagcccaacaggtagtgaaactggaaaaaatgtgttagaacatttcaaggaagaaaaacatgt  
gttagaatagatgacttattcaattgggtgaatagaatacttcttgaatcattttacccttggatt  
ct

>Cajanus\_cajan\_UCP1b (proteína deduzida)

MVGGGNSKSDISFAGTFASSAFAACFAEVCTIPLDTAKVRLQLQKQVIVGDAVTLPKYRGLMGTVATI  
AREEGLAALWKGIVPGLHRQCLNGGLRIALYEPVKNFYVGDHVGDVPLYKKILAGFTTGAIAISVAN  
PTDLVKVRLQAEGKLPTGVPRRYSGLNAYSTIVRQEGVGLWTGIGPNIARNGI INAAELASYDQVK  
QTILKIPGF TDNVVTHLLAGLGAGFFAVCVGSPVDVVKSRMMGDSSYKSTLDCFVKTLKNDGPF AFYK  
GFIPNFGRLGSWNVIMFLTLEQAKKFVKSLESA

>Cajanus\_cajan\_UCP2 (cDNA deduzido)

gaactcgtttgaaggagagtgataagatttaaccgaacgtgggttgttgctttctttcatgctactctc  
cttcaccttcttaatcactcaccacaaccaacccttttcttctgcccggagtgtcaacaatgtcaga  
tccaaccagatttcggttcggtcaagccttcttttgcagcgttctcgccgcttgtgtgcccaggttt  
gtactattcctctggacacagctaagggtcaggcttcaactccaaaggaagctaggggttgatgatgaa  
gtgggtttacctaataacaagggcttgctgggcacgggttaagaccattgctagagaagaggggtatc  
agctctatggaaagcattgttctggttgcatcgccaatgtctatatgggggcttaagaattgggt  
tatatgatccctgcaaaaacatttcttggtagtgcaattgttggagaggttccattataccatag  
gtactggctgctttgctgactgggtgctttggcaatcatgggtgctaatccaactgatctagtcaaagt  
taggctccaagctgaagggtcaattgccatctgggggtacctagggcttattctgggtgctatagatgcat  
atataactatctcaagacaaggggataggggccttggtggactgggcttgggccaatatagcaagg  
aatgcaattataaatgctgctgaattagctagctatgatcaagtgaacggaagattttgacaattcc  
agggttcatggatgatgtctatactcacctccttgcctggcttaggtgcaggctcttttgctgtcttta  
ttggttctcctgtagatgtggtaaatccaggatgatgggggattcaacctacaaaagcacatttgac  
tgcttctcaagactttgcttaatgaggtattacggccttctataaagggttctcctcctaattttgg  
tcaataggagcttggaaatgtggttatgttcttacccttgaacaagcaaggggtcttcagaggaat  
aaattattgccactcttcatgattgaggttcaactaagcaaaaatagtggtttttctcggatgattgctt  
tcagatgaacgacagatttttacagcagaagggcggcttctcctcatttgtttctacttctgtcgtg  
tggatggacatcaagctttatataattcttagtcgatgaataaacggtaattttaccctttatggctgt  
tgtccacttgtgccacgtggacgccacaattcaaacattcttatccaatgaatagatcgtgaaactac  
atttacttgaaaggcctacattgctgctgggttcgatacgagatgtatttttcattttttttctcctggg  
aaataaatgtgtatttcccactcattgaaatagacaagtgaaatgacacatgcatgaaaactgataa  
ttatttagtctataatttatttccattcaaatattatgggtctattgccattgatatcgaatatgg  
attttggt

>Cajanus\_cajan\_UCP2 (proteína deduzida)

MSDPNQISFVQAFFCSAFAACVAEFCTIPLDTAKVRLQLQRKLGVDDEVGLPKYKGLLGTVKTiaree  
GISALWKGIVPGLHRQCLYGLRIGLYDPVKTFVLVGSFAFVGEVPLYHMLAALLTGALAIMVANPTDL  
VKVRLQAEGQLPSGVPRRYSGAIDAYITISRQEGIGALWTGLGPNIARNAI INAAELASYDQVKRTIL  
TIPGFMDVYTHLLAGLGAGLFAVFIGSPVDVVKSRMMGDSTYKSTFDCFLKTLNNEGFTAFYKGF LP  
NFRIGAWNVMFLTLEQVKRVFRG

>Cajanus\_cajan\_UCP3 (cDNA deduzido)

gatagaacgggttgcaggaaatgaaacctatcatgattatcatcaatcatcgttgactgctccaaaa  
tgagtgaggtaattttgaaactaaaagctgaatctatgatgtctgatgaaggtaaatcattgcagg  
caaaagatatcactgggttgtggcttttggatgaatgtacctatgaaatggctatcaacatgggtggagt  
tgatactgctcacacaaaggcttttctaacaactcactctcagctatgggtggctgagaccataactttcc  
ccatagacttgatcaagaccaggctccaactccacggcgagtcaacttctcctcgagtcgtcccactagt  
gcatttcgagtaggcatgggcattgttagtgaacaagggtgctcttggcctttacaggggcttgtctcc  
agcaattatcagacacctattctacacgcctattcgaattgttgggtatgagcacctgagaagtgta

tttttgtggataatgcttcgatctctatcgttggcaaggcaattgtcgggtggaatctctgggtggtg  
 gccca<sup>gg</sup>ttatagccagcccagctgatcttgtgaagggtgaggatgcaagctgatggccaaaggggtgag  
 ccaaggtcttcaacctcgggtatggggccatttgatgctttgaacaaaattggtcaagctgaaggat  
 ttcaaggactgtggaaggggtgtttttcccaatatccaaagagccttcttagtaaacatgggagaatta  
 gcttgttatgatcatgctaacaatttgttattagaagtaggatagctgaggataaatatgatgccca  
 cacattagcttccatcatgctcgggtctagcggcaacttcattaagttgtccagctgatggtgtgaaga  
 ctagaatgatgaaccagcagccaaaaaggaagggacagctcttatataatagctcttgtgattggttg  
 gtaaagacagttaaagttgaggggaataagagccctgtggaagggattcttccccacatgggcaaggct  
 tggccctggcaatttgtgttctgggttccctatgagaagttcaggaaatttgcagggctatcttctt  
 tct<sup>taa</sup>tataatattttgattcatagtggcattcattcatccataataaattcacaagtccagcctac  
 agggactaacaccagatttttacatttttaacttttagcctactgtttatctgttttttgggg  
 ataatttacattccttttttcatgagagatgattaaattatact

>Cajanus\_cajan\_UCP3 (proteína deduzida)

MGYQHGGVDTAHTKVFLTSLSAMVAETITFPIDLIKTRLQLHGESLSSSRPTSAFRVGMGIVSEQAL  
 GLYRGLSPAIIRHLYFTPIRIVGYEHLRSVIFVDNASISIVGKAIIVGGISGVVAQVIASPADLVKVRM  
 QADGQRVSQGLQPRYLGFDFALNKIVQAEGFQGLWKGVPNIQRAFLVNMGELACYDHAKQFVIRSRI  
 AEDNIYAHTLASIMSGLAATSLSCPADVVKTRMMNQAAKKEGTVLYNSSCDCLVKTVKVEGIRALWKG  
 FFPTWARLGPWQFVFWVSYEKFRKFAGLSSF

>Cajanus\_cajan\_UCP4 (cDNA deduzido)

acacccaaacccaaacctatcgtttcagcatatgtctcaaaggccacggttccacactcttcttcca  
 tagcctgcggcctccactcccatctcctggctccagtgagatgaaccctaattccaattgggtctcat  
 tagttcaaccttttctcattctttcaaccaacacaactaaccctagttaactcctcactcctcactc  
 ctactccattccaaacaaaaacatc<sup>atg</sup>ggcgtcaaaggttctcgctgagggagggatcgcttccatc  
 atcgaggatggtccacacaccactcgacctcatcaaggtccgcatgcagctccagggcgaactaa  
 tgtccctaaaccgcttcacaacctccggcccgcactcgcgttccaaaccggttcgactgtccacgtgg  
 cggccttaccaccagccccgcgtcggccccatcgcgggtcggcgtccgcctcgtccagcaggagggcgtc  
 gccgactcttctccggcgtctccgccaccgtcctccgccagatgctctactccaccaccgcatggg  
 cctctacgacgtcctcaagaccaagtggaccgaccccgccggcaccatgcgcgtcaccgcgaaga  
 tcgaggccgggtctcatcgccggcggcgtaggcgcgcgctcgggaaccccgccgacgtggccatggtc  
 cgaatgcaggccgacgggaggctcccgccggcggagcggcgcaactacaagtcggtgggagccat  
 cacgaggatggcgcggagcggggcgtggctagcctgtggcgaggctcatcgcttacgggtgaaccgag  
 cgatgctcgtgaccgcatcgcagctcgcgtcgtacgatcagttcaaggagatgattctggagaaggg  
 ctgatgcgcgacgggctcgggactcacgtcacggcgagcttcgcggcgggggttcgtggccgcgggtggc  
 gtccaaccccgtagcgttattaaaacgaggggtgatgaacatgaaggtggagcccgggcggcgcgcg  
 cgtacgccggcgcggttgactgtgctctgaagacgggtgcgcgcggaggggcccattggcctttacaag  
 gggtttgtgctacgatctcgaggcagggaccgttcaccgctcgtgctgttcgtgacgctggaacaggt  
 tcgcaagctgcttaaggatttct<sup>tga</sup>attatgataatgatgatgacgaagattacgcttctcttttcaat  
 aatatgcgggttgattttgtgattatgaattatgatgtagtctggaatggtaattttgttactttatt  
 catcaatgaga

>Cajanus\_cajan\_UCP4 (proteína deduzida)

MGVKGFAEGGIASIIAGCSTHPLDLIKVRMQLQGETNVPKPLHNLRPALAFQTGSTVHVAALPQPRVG  
 PIAVGRLVQQEGVAALFSGVSATVLRQMLYSTTRMGLYDVLKTKWTDPAAGTMPLTRKIEAGLIAGG  
 VGAAVGNPADVAMVRMADGRLPAAERNYKSVVDAITRMARSEGVASLWRGSSLTVNRAMLVASQL  
 ASYDQFKEMILEKGLMRDGLGTHVTASFAAGFVAASNPVDVIKTRVMNMKVEPGAAPPYAGALDCA  
 LKTVRAEGPMALYKGFVPTISRQGPFTVVLVFTLEQVRKLLKDF

>Cajanus\_cajan\_UCP5 (cDNA deduzido)

agcatatgtctcaatgggtccaacgttccctcactcttgttccatagccttcggcctccattcccattct  
 ctgtctccagtgaaatgaacccaaactccaattgggtcctcttgaacccaaacccctttaatta  
 cattccattcttttctctcatcaaaatttctccccggaaaattctgacaaaatcaaccacaccacc  
 tcttcaatttcttattgattctttcaaaataacaaactttttggccttgaatcgaat<sup>atg</sup>gggtgtcaaaggt  
 ttcgctcgaaggaggcattgcttccgtgatcgcaggggtgctccaccaccctcttgatcfaatcaaggt

ccgaatgcagctccaaggagagacccaacactcaaatctccgaccgcactcgctttccacccaact  
 ccgtccacgcgcgcccgcacgtccggcaaaagcaggtcccacgcgcgtggcggtcaaattagtccaa  
 caagaaggcgtcgccgcgcttttctccggcgtctccgccaccatcctccgccagcttctctactccac  
 caccgcgcatggggctctacgaagtgtcaaggagaaatgggtccgaacccaattccgccggcggcacca  
 ccatgcccctcaccgcgaagatcgcgggcaggactcatggcggcgggaattggcggcggcgtcggcaac  
 ccggccgacgtgtcaatgggtccgcacatgcaggccgatggaagactcccaccggcccaacgacggaatta  
 taaatccgctcgttgatgctatcaccagaatgggtgaaagacgagggcgtgaccagtttatggcggcgtt  
 catctctcacgataaaccgcgccatgctggtagcggcctcgacgtggcctcttatgaccagttcaag  
 gagatgattttgaaaggggtgtaatgggtgacgggcttgggacccatgtgacggcaagtctcgcggc  
 ggggtttgtggcggcgggtcacgtcgaaccccgtcgacgtgatcaagactaggggtgatgaacatgaagg  
 tggagcccggggcggcgcgcgctactccggtgcactcgattgcgccatgaagacgggtgcgcgcggag  
 ggtcccatggctctttacaaaggctttgttcccacgatttcgagacagggacccttcacgggtgtcct  
 gttcgtcacggttgaacaggtgcgcaagttacttaaggatttttaagtgcgaagataatgacgaagaa

>Cajanus\_cajan\_UCP5 (proteína deduzida)

MGVKGFVEGGIASVIAGCSTHPLDLIKVIRMQLQGETQHSNLRPALAFHPTSVHAPPHRPAKAGPIAVG  
 VKLVQQEGVAALFSGVSATILRQLLYSTTRMGLYEVLEKEKWSEPNSAGGTTMPLTRKIAAGLMAGGIG  
 AAVGNPADVSMVRMQADGRLPPAQRNRYKSVVDAITRMVKDEGVTSLWRGSSLTINRAMLVTASQLAS  
 YDQFKEMILERGVMDGLGTHVTASFAAGFVAAVTSNPVDVIKTRVMNMKVEPGAAPPYSGALDCAMK  
 TVRAEGPMALYKGFVPTISRQGPFTVVLFFVTLEQVRKLLKDF

>Glycine\_soja\_ucpl1 (cDNA deduzido)

gactaagcctacagtcattagaggatacagatgctatacgaacattaaaaggaattaaggaaaccg  
 tgcaagtgtgcaacatgcattgcatctagcaaagcaagtggaccttggcagctcaaggaaattttac  
 cagacaataaatgagtgagtattcagaaacaaaaaccaatagcaatacatttccgatttccagacag  
 aggaactactcagcttagcttgagtattttcaagaggggatcaaaggggaagaagaagggaaggactca  
 aacttgacacacgcaacctttggttcctttcccaacactcaccatggtggcagattccaagtccaatc  
 cgacctctccttcggaaaaatctttgccagcagtgctttctctgcatgtttcgctgaagggtgtacta  
 ttctttggatactgccaagtgaggcttcagcttcaaaagcaagctgtagctgggtgatgtgtctcc  
 ttacctaaataaagggtatgctgggaacagttggaaccattgccaggggaagaaggctctttcagcact  
 ctggaagggcattgtgccagggttacatcgtcaatgtttgtatggaggcttaagaattgggttatatg  
 aaccctgtaagactttctatgtggggaaagaccatgttgagatggtccattgtcaaagaaattctt  
 gctgcatttacaactgggtgcttttgcaattgcaagtgaaatccaaccgatcttgtcaaagtagact  
 tcaagctgaaggaaattacctcctgggtgtcccaggcgtactctggatctttaaattgcttattcaa  
 caattgtgagacaggaaggagtggggctctttggactgggcttggcccaatatagcaagaaatgggt  
 atcatcaatgctgcccgaattagccagctatgatcaagtgaacacgactattttgaaaattccaggatt  
 cactgacaatgttgtaactcatctcttctgctgggtcctggggcaggggtttttcgccgtctgtattggct  
 cccagttgatgtggttaagtgcagaatgatgggagattctagttacaagaacacccttgattggttt  
 atcaaaacattgaagaatgagacccttagcctttataaagggttctccaaattttggacggct  
 gggatcttggaaatgtgatcatgtttctaacttagaacaactaaaaagttcgtcaaaagtttagagt  
 cgtccctgaggcgagttcccgttgagaatcttctaaggggactgggtgcaactgcaaatgtagtggaaa  
 ttgtagaaaaataaagggtccctttctcttctcattctgctaaccaggatgtgggtcaaacatttttttaggg  
 aggaaaaatttgatagtaaaatgagaatgctattcatataactagcttttagcaattgccatataat  
 ctgtgggattgcatgcagttgcatgtatttctctttaaactttattatgaaccgagcttggacatgt  
 cacgagattcgtttcaaatttggcgggggttcaagcctcaaaaccaatgttttattca

>Glycine\_soja\_ucpl1 (proteína deduzida)

MVADSKSNSDLFSGKIFASSAFSACFAEVCTIPLDTAKVRLQLQKQAVAGDVVSLPKYKGMGLGTVGTI  
 AREEGLSALWKGI VPLHRQCLYGLRIGLYEPVKTFYVGKDHVGDVPLSKKILAAFTTGAFIAVAN

PTDLVKVRLQAEGLPPGVPRRYSGLNAYSTIVRQEGVGLWTGLGPNRIARNGI INAAELASYDQVK  
 QTILKIPGFTDNVVTHLLAGLGAGFFAVCIGSPVDVVKSRMMGDSSYKNTLDCFIKTLKNDGPLAFYK  
 GFLPNFGRLGSWNVIMFLTLEQTKKFVKSLESS

>Glycine\_soja\_ucpla2 (cDNA deduzido)

aataaaggagaacaacctaataaaaaaaaaaacagcaaagtcagccaagagcaaaaaaccacgtaatcaa  
 acaccaacaaccgaaaaaaaaaggatatactggaaagaagctcaaaacatggggacaaccacagaat  
 cacaccttgagtcgaggaaggaagtaaaagagaaagtgagaagggagaagggaggactcaaatttg  
 cacacgtaaacctttggttcctttccaacactcaccatggtggcagattctaagtccaaaccgacct  
 ctctttcggcaaaacctttgccagcagtgctttctctgcatgtttcgctgagggtgtactattcctt  
 tggacactgccaaagttaggcttcagcttcaaaagcaagctgcaactgggtgatgtagtctccttacct  
 aatataagggatgctgggaacagttgcaaccattgccagggagaaggtctttcagcactctggaa  
 gggcattgtgccagggttacatcgtcaatgtttgtatggaggcttaagaattgggttataatgacctg  
 ttaagactttctatgtggggaaagaccatgttggagatgtcccattgtcaaagaaagttcttgctgca  
 ttacaactgggtgcttttgcaattgcagtggaatccaactgatcttgtcaaagtagacttcaagc  
 agaaggaaaattacctcctgggtgttcccaggcggactctggatctttaaatgcttattcaacaatg  
 tgagacaaggaaggtggggctctttggactgggcttggcccaatatagcaagaaatgggtatcatc  
 aatgctgctgaattagccagctatgatcaagtgaacaactatatttgaaaattcccggattcactga  
 caatgttgtaactcatctccttgctgggtctggggcaggggtttttgcggtctgtattggctccccag  
 ttgatgtggttaagtaagaatgatgggagattctagttacaggaacacccttgattgttttatcaa  
 acattgaagaatgtagacccttagcctttataaaaggttctcccaaattttggacggctgggatc  
 ttggaatgtgatcatgtttctaaccttagaacaactaaaaggttcgtcaaaagtttagagtgtcct  
 gaggctgagttatcttgagaattttctatggggactgggtgcaattgcaaatgcagtggaattgttg  
 aaataaaggtccctttctcttcatctgccaaccaggatgtggtcaaacatttttttagggaggaaaa  
 aattggatagtaaaatgataatatttattcatatatactagcttttagcaattgccatataattctgt  
 gggattgcatgcagttttcatatgattctctttaaacttattatgaaccgagcttggacatgccatg  
 cgattttcaaatttgggtgggggttcaaacctcaaaaccaatgttttattca

>Glycine\_soja\_ucpla2 (proteína deduzida)

MVADSKSKSDLSEFGKTFASSAFSACFAEVCTIPLDTAKVRLQLQKQAATGDVVSPLPKYKMLGTVATI  
 AREEGLSALWKGIVPGLHRQCLYGGLRIGLYDPVKTFYVYVGDHVDVPLSKKVLAAFTTGAFIAVAN  
 PTDLVKVRLQAEGLPPGVPRRYSGLNAYSTIVRQEGVGLWTGLGPNRIARNGI INAAELASYDQVK  
 QTILKIPGFTDNVVTHLLAGLGAGFFAVCIGSPVDVVKSRMMGDSSYRNTLDCFIKTLKNDGPLAFYK  
 GFLPNFGRLGSWNVIMFLTLEQTKRFVKSLELS

>Glycine\_soja\_ucplb1 (cDNA deduzido)

cttgtccttgaacttcaactgctcgttacgccaacaccatttttttttctcttctcctctgaagcatttt  
 ttcttcttcttcttttggtttcttattccttcttcaattatctctcttctttagttgtgaacatttt  
 ttcggtctcgtcgaagcaatggtggcgggtggcaattccaatccgacatctcctttgctggcactta  
 cgctagcagtgctttcgtcgcagtttcgcccagggtgtgtactcttctttggacaccgccaagttta  
 ggcttcagcttcaaaaacaagctgtagttgggtgatgtggtgaccttacctaataataggggtttgctg  
 ggaacgattggaaccattgccagggagaaggtctttcagcactctggaaggggattgtgccagggct  
 acatcgtcaatgtttgaaatgggtggttaagaattgcgttatatgagccttaagaatttctatgttg  
 ggctgacctgattggagatgttccattgtttaaagaaaattctcgtctggatttacaactgggtgatg  
 gcaattgcagtggcgaatccaactgatcttgtgaaagtagacttcaagcagaaggaaaattacctcc  
 tgggtgtgccaggcgttactctggatcattaaatgcttattcaacaattgtgagacaaggaaggttg  
 gagcactttggactgggattgggtccaacatagcaagaaatggcatcattaatgctgctgaactagcc  
 agctatgatcaagtaaaacaactatatttgaaaattcctggattcaccgacaatgttgtaactcacct  
 tcttgctgggtctaggagcaggattttttgagctctgtgttggtccctgttgatgtggttaagtcga  
 gaatgatgggagattcaagttacaaaagcacccttgattgtttcgttaagacattaaaaatgtagga  
 cttttgccttttataaggggttcatacacaattttggacggctaggatcttggaaatgtgatcatgtt  
 tctaactctagaacaactaaaagtttgcgttaaaactttagaatcagcttgaacttcaaacaaattatc

agtagattttttttttgaggagactcccctggatgcaatggaaattgtcaacaaaataaaaacttct  
 cttcattttgttaattgaaatgtatcaaacattttttgctgggggaaatttgaagtattaataaatt  
 agaagagctatgccatctccctgcaatttaaattttatattgttgggcttgggcttgggcttgggctt  
 gggcttgggctgggacttgggcatgggaacttcctttaaaagtccaagccttagcagtatgtttccata  
 tctaagtgaaatatcagccttatgctttttttta

>Glycine\_soja\_ucplb1 (proteína deduzida)

MVAGGNSKSDISFAGTYASSAFAACFAEVCTLPLDTAKVRLQLQKQAVVGDVVTLPKYRGLLGITIGTI  
 AREEGLSALWKGIVPGLHRQCLNGGLRIALYEPVKNFYVGPDHVGDVPLFKKILAGFTTGAMAIAVAN  
 PDLVKVRLQAEGLPPGVPRRYSGSLNAYSTIVRQEGVGALWTGIGPNIARNGI INAAELASYDQVK  
 QTILKIPGF TDNVVTHLLAGLGAGFFAVCVGSPVDVVKSRMMGDSSYKSTLDCFVKTLKNDGPF AFYK  
 GFIPNFGRLGSWNVIMFLTLEQAKKFVKTLESA

>Glycine\_soja\_ucplb2 (cDNA deduzido)

agattcacttattttacagagtttagtatgtaagaattcctctgccttgtcttgagcgttcattcact  
 gccgttacgccaacacacattttttctctcctctgaagcattttttctcctccttttttggttt  
 ctattccttctcaattctctctctcaattagtagtaaacatttttttggcctcggtgaagcaatg  
 tggggggtggcaattccaaatccgatatctcctttgctggcacttacgctagcagtgctttcgctgca  
 tgtttcgccgaagggtgcaactctcctttggacactgctaagtaggcttcagcttcaaaaacagggc  
 agtacttggatgagcagtgaccttacctagatataggggtttgctgggaacgggttgaaccattgcca  
 gggaagaagggtttttcagcactctggaaggggattgtgccagggctacatcgtaaatggttgaatggg  
 gggtaagaattgcgttatatgagcctgtaagaatttctatggtggggctgaccatggtggagatgt  
 tcattgtctaagaaaattctcgtctggatttacaactggtctatggcaattgcagtggaaccca  
 ctgatcttgtgaaagttagacttcaagcagaaggaaaatgcctcctggcgtgcccagcgtactct  
 ggatcattaaatgcttattcaacaattatgagacaggaggagtggagcactttggactgggattgg  
 tccaacatagcaaggaatggtattattaatgctgctgaactagccagctatgatcaagtgaaca  
 ctattttgaaaattcctggattcaccgacaatgttgaactcaccttcttgcctttaggagcagga  
 ttttttgcagctctgtgctggctcccctgttgatggttaagtcgagaatgatgggagattcaagtta  
 caaaagcacccttgattgtttcattaagacattaaaaaatgatggaccttttgccttttatatgggg  
 tcataccaaattttggacggctaggatcttggaaatgtgatcatgttttaactctagaacagctaaa  
 aaattcgtcaaaagtttagaatcagcttgacctcaaaaaaacttatcagtagaattttttgaggagac  
 tccccaaatgcaatggaaattgtcaagtaaaaacttgtcttcattttgtaattggaacgtacccaa  
 acaattttttttggggggcgggggaattttagtaataaatgagaagagctatgcatcccctgca  
 atttaaattttatttagttggttctggggttgggcttgggcatagggacttctttaaaagt  
 ccaagccttagcagtatgtttccatatccaagtgaaaataagcttagcatatgctttttttta

>Glycine\_soja\_ucplb2 (proteína deduzida)

MVGGNSKSDISFAGTYASSAFAACFAEVCTLPLDTAKVRLQLQKQAVLGDVTLPRYRGLLGTVGTI  
 AREEGLSALWKGIVPGLHRQCLNGGLRIALYEPVKNFYVGDVPLSKKILAGFTTGAMAIAVAN  
 PDLVKVRLQAEGLPPGVPKRYSGSLNAYSTIMRQEGVGALWTGIGPNIARNGI INAAELASYDQVK  
 QTILKIPGF TDNVVTHLLAGLGAGFFAVCAGSPVDVVKSRMMGDSSYKSTLDCFIKTLKNDGPF AFYK  
 GFIPNFGRLGSWNVIMFLTLEQAKKFVKSLESA

>Glycine\_soja\_ucp2 (cDNA deduzido)

taaccactctatcttggagtgtgaaagtaacgcagctaacaccacacctatattaatttaccgtga  
 actcgtttgaaagatttaaccacaaagtgggtgcttgcgaagttgcgttaatgctactactctccttca  
 gcttcttaatcactctcaccacacccctttcttcttcttcttcttaccagcgtcaacaatgcatcc  
 gtaccagatttcgctcgtcaagccttcttgtgcagcgtttcgcgcgctgtttcgccgagtgtttgta  
 ctattcctctggacacagctaaggtcaggtcctcaactccaaaagaaggtaggattgatgatggagtg  
 ggtttacctaaatacaagggtttgcgggacagtttaagaccattgctagagaagaggggtatcagc

tctgtggaaaggcattgttcctggtttacaccgccaatgtttatatggaggcctaagaattggggtat  
 atgatcctgtgaaaacatttcttggtagtgattgttggagaggttccattataccatatgata  
 ttggctgctctgctgactggtgctttggcaatcacaattgctaatacactgatctagtcaaagttag  
 gcttcaagctgaaggccaattgccaactgggttacctaagcgttattctgggtgctatagatgcatatt  
 taactatactgagacaagaagggatagggccttgtggacaggtcttggggccaatatagcaaggaat  
 gcaattataaatgctgcggaattggctagctatgataaagtgaaacggacgattttgaaaattccagg  
 gtcatggacaatgtctatactcacctactcgctggcttaggtgcaggtctttttgctgtctttattg  
 gttctcctgttgatgtgggaaatccaggatgatgggggattcaacctacaaaagcacatttgaatgc  
 tttctcaagactttgcttaatgaggattttggccttctataaaggtttcttcttaatttttagtgcg  
 agtaggagcctggaatgtgattatgtttcttaccctgaaacagcaaagagagttataagaggataa  
 tgttgttagttgttactcttcatgattgagattcaccaagcaaatttagtggtctttttcgggtgagt  
 gctactgctatcagatgaacaacagatttgttagcagaaagggtggtttttctacatttacttctgccg  
 tgtggatgtacgtcacgcttcatatattcttagtgcgatgaataaacctgcaaattaccattgtctcct  
 acttggggccatgtggacgccacaattaaaacattccttggctacaatgaatagaccgtgaaattacatt  
 tacttgaaaggcattcactgtactggatcgatagtaatgtatttttgggaaataagttgctgatttc  
 ccaactcattgaatagacaaatgaaatgaaacatgtatgaatacttttagagtatagcttattacttca  
 ttcaaatatcatggggtctattgccatttttgaa

>Glycine\_soja\_ucp2\_14815 (proteína deduzida)

MSDPYQISFAQAF LCSAFAACFAEFCTIPLDTAKVRLQLQKKVGIDDGVLGPKYKGLLGTVKTiaree  
 GISALWKGIVPGLHRQCLYGGLRIGLYDPVKTFLVGSFAFVGEVPLYHMILAALLTGALAITIANPTDL  
 VKVRLQAEGQLPTGVPKRYSGAIDAYLTLRQEGIGALWTGLGANIARNAI INAAELASYDKVKRITL  
 KIPGFMDNVYTHLLAGLGAGLFAVFIGSPVDVVKSRMMGDSTYKSTFECFLKTLNNEGFLAFYKGF LP  
 NFSRVGAWNVMFLTLEQAKRVIRG

>Glycine\_soja\_ucp3 (cDNA deduzido)

tccggtgaggatagaacaggttcggataaactgaaccgtgtcagtggtcatcatcgactgctccaaat  
 ggccgaggtaattttgaaatcctaactcgtggaatccatgatgcctgatggaaatcattgcagccaaaaga  
 catcataccagttcctggtttcttgattgtcttagaagaacaaacagccttgcataatcttttggtgg  
 tgagttagggtcttcttgaaatgtaccatgaaatcaggctatcaacatgggtggagttgatattactca  
 cactaaggccttctaacatcactgtcagctatgggtggctgagaccacaactttcccatagatttga  
 tcaagaccaggctccaactccatggcgagtcacttctcctcgagtcacccactagtgcatcttcgagta  
 ggcttgggcattattcgtgaacaagggtgcccttggcctttacagtggtcctgtcaccagcaattattag  
 acacatgttctactcgcctattcgaattgttgggtatgagaacctgagaaatgttgttctgttgata  
 atgcttcgttctctatcgttggcaaggctgtagttgggtggaatctctggtgtccttggctcagggtata  
 gccagcccagctgatcttgtcaaggtgaggatgcaagctgatggccaaaggggtgagccaaggtcttca  
 acccgggtattcggggccatttgatgctctaacaacaaatgttcgtgctgaaggatttcaaggattgt  
 ggaaggggtgttttcttaatatccaagagccttcttagtgaacatgggagaattagcctgttatgat  
 catgctaacaatttgttattagaagtaggatagctgatgacaatgtttttgcccacacttttgcttc  
 catcatgtcaggttttagcggcaacgtctttgagctgcccggctgatgttgtgaagactagaatgatga  
 atcaggcagctaaaaggaaggaaaggtcttatataatagctcttatgattgcttgggtgaagacaatt  
 aaagttgaaggaataagagcattgtggaaggattcttccaacatgggcaaggcttggccatggca  
 atttgtgttctgggtttcctatgagaagttcaggaaatttgcagggctctcttctttcctaaataaca  
 ttttatttatttatttatttatactagcactcattcatccataataaattcacaagtcacagcctaca  
 gggactaacaccagatttatatttttctcaacttttagctcagtgatactttttgagataaact  
 acattactcttcttaagaagattatattatactacctgtgttttactgcagattatattaa

>Glycine\_soja\_ucp3 (proteína deduzida)

MKSGYQHGGVDITHTKAFLTSLSAMVAETTTFPIDLIKTRLQLHGESLSSSHPTSAFRVGLGIIREQG  
 ALGLYGLSPAII RHM FYSPIRIVGYENLRNVSVDNASF SIVGKAVVGGISGVLAQVIASPADLVKV  
 RMQADGQRVSQGLQPRYS GPF DALNKIVRAEGFQGLWKGVFPNIQRAFLVNMGELACYDHAKQFVIRS

RIADDNVFAHTFASIMSGLAATSLSCPADVVKTRMMNQAAKKEGKVLNSSYDCLVKTIKVEGIRALW  
KGFFPTWARLGPWQFVFWVSYEKFRKFAGLSSF

>Phaseolus\_vulgaris\_UCPla (cDNA deduzido)

cagtcattggagatgaaaattgacaacattaagactcagagagagaagaatttttttgcagcagaa  
taaatcagaattcaaacacccaaaatttgtgaacactttccatacagaggaaccaagtttgatctgag  
tcttttcaaaagggatcaaaggaaaggacccaaatttgcatacgcacgcttgggttcctttccagga  
caacaaaacacacatggttagcagatttctaagtccaaatccgacctctccttcggcaaaacctttgcca  
gcagtgccttttctgcatgttctgctgagggtgtgtactattccattggacactgccaaagttaggctt  
cagcttcaaaaacaagctgcaactgggtgatgtaatctccttacctaataaagggtatgctgggaac  
agttgggtaccattgacgaggaagaaggtcttccagcactctggaagggaattgtgcccagggttacatc  
gtcagtggttgacgggtggttaagaattgggttatatgagccttggaagtctttgtatgtggggaag  
gaccatggtggagacggtccattgtcaaagaaaattcttgcagcattcacaactgggtgctgtgggaat  
tgctgtggcaaatccaactgatcttgtcaaagttagacttcaagcagaaggaaaactacctcctgggt  
ttcccaggcgctactctggatctttaaattgcttattcaacaattgtgagacaggaaggagttggggct  
ctttggactggacttggccccaatatagcaagaaatgggtatcatcaatgctgctgaactagccagcta  
tgatcaagtgaacacagactattttgaaaattccagggttccactgacaatgttgaactcatctccttg  
ctggctctggggcaggggtttttgctgtctgtattggctcccagtagatgtggttaagtcaagaatg  
atgggagattctagttacaagaacacccttgattggtttatcaaaacattaaagaatgagggaccat  
ggccttttacaagggttccctccaaatttggacggctaggatcttggaatgtgatcatgtttctaa  
ccttagaacaagactaaaagttcatcaaaaatttagagtcaccctgagctgagttaccttgagaattt  
tctaagcggcttattgcaactgccaatgcagtggaattgtagaataaagctttctcttattctgc  
aaactgatggaatgtggtaagaatttttccagggaggaaatttttacaagatatgtgttattcata  
tatactagcagatttttagcactttccatttattatgaaccatgattggatttaaacagacatagccc  
ttgatcactaccattgtcttaagatgggtggcaattattgtttagtatcaaattttaagccattgatg  
caggaactttggtttctgtatgcaaggcaaaatattatagcacctctaatagcagtggttatgattct  
ttagc

>Phaseolus\_vulgaris\_UCPla (proteína deduzida)

MVADSKSKSDLSEFGKTFASSAFSACFAEVCTIPLDTAKVRLQLKQAAATGDVISLPKYKMLGTVGTI  
AREEGLSALWKGIVPGLHRQCLYGGLRIGLYEPVKSLYVVGKDHVGLVPLSKKILAAFTTGAVGIAPAN  
PTDLVKVRLQAEGKLPPGVPRRYSGLNAYSTIVRQEGVGLWTGLGPNIARNGI INAAELASYDQVK  
QTILKIPGFTDNVTHLLAGLGAGFFAVCIGSPVDVVKSRMMGDSSYKNTLDCFIKTLKNDGPMAFYK  
GFLPNFGRGLGSWNVIMFLTLEQTKKFIKNLESP

>Phaseolus\_vulgaris UCPlb alternativa(cDNA deduzido)

ctcgtcgaagcaatggtgggaggtggcagttccaaatccgacatctcctttgctggcactttcgccag  
cagtgctttcgctgcatgtttcgccgagggtgtgtactattcctttggacactgcaaaagttaggcttc  
agcttcagaaacaggctgtagttgggtgatgtgggtgaccttacctaataataggggtatgcttggaa  
ggttggaaaccattgccaggggaagaaggtcttccgacactttggaaggggattgtgccagggttacaacg  
tcaatgtttgaatggaggtttaaagaattgcattatatgagccttgtaagaatttctatgttggacctg  
accatgttggagatgtaccactgtttaaagaaaattctcgtggatttacaactgggtgctatggcaatt  
gcagtgcccaatccaacagatcttgtgaaagttagacttcaatctgaaggaaaattgccccctgggtg  
gcccaggcgctacactggatcattaatgcttattccacaatagtgagacaggaaggagttggagctc  
tttgactgggattgggtcccaacataacaagaaatgggtatcattaatgctgctgaattagccagctat  
gatgaagtgaagcagatattttgaaaattccaggattcaccgacaacgttttaaactcatcttcttgc  
tggcttagggggcaggggtttttgtagttgtgttggctcccctgttgatgtggttaagtcaagaatga  
tgggagattctagttacaagacccttgattgtttcatcaagacataaaaaatgagggacctttt  
gctttttataaggggttcataccaaattttggacggctaggatcttggaaatgtgatcagtttttaac  
tctagagcaggtacaagctgaatgctttgtaatagcttcacatttatcctatcctttttcacctcc  
tacctcttggagttcaagtttattttcatacattacttatctgttgaaggtagagatcagaaaacccaa  
aatttgcagaagattttttt

>Phaseolus vulgaris UCP1b alternativa (proteína deduzida)

MVGGGSSKSDISFAGTFASSAFAACFAEVCTIPLDTAKVRLQLQKQAVVGDVVTLPKYRGMGLTVGTI  
AREEGLSALWKGIVPGLQRQCLNGGLRIALYEPVKNFYVGPDPHVDVPLFKKILAGFTTGAMAIIVAN  
PTDLVKVRLQSEGKLPVPRRYTGSLNAYSTIVRQEGVGLWTGIGPNITRNGI INAAELASYDEVK  
QNILKIPGF TDNVLTHLLAGLGAGFFAVCVGSPVDVVKSRMMGDSSYKSTLDCFIKTLKNDGPF AFYK  
GFIPNFGRLGSWNVIMFLTLEQVQAECFVIASHLSYPFYHLLPLGVQVYFHTLLIC

>Phaseolus vulgaris UCP1b (cDNA deduzido)

ctcgtcgaagcaatcgtgggaggtggcagttccaaatccgacatctcctttgctggcactttcgccag  
cagtgtttcgctgcatgtttcgccgagggtgtgtactattcctttggacactgcaaaagttaggcttc  
agcttcagaaacaggctgtagttggtgatgtggtgaccttacctaaataggggtatgcttggaaaca  
gttggaaaccattgccaggggaagaaggtctttcggcactttggaaggggattgtgccaggggtacaacg  
tcaatgtttgaatggagggttaagaattgcattatatgagccctgtaagaatttctatgttggacctg  
accatgttggagatgtaccactgtttaagaaaattctcgtctggatttacaactggctatggcaatt  
gcagtggccaatccaacagatcttgtgaaagttagacttcaatctgaagggaaaattgccccctgggtgt  
gccagggcgctacactggatcattaatgcttattccacaatagtgagacaggaaggagttggagctc  
tttggactgggattgggtcccaacataacaagaaatgggtatcattaatgctgctgaattagccagctat  
gatgaagtgaagcagatattttgaaaattccaggattcaccgacaacgttttaactcatcttcttgc  
tggcttaggggaggggtttttgtagttgtggtggctccctgttgatgtggttaagtcagaatga  
tgggagattctagttacaaaagcacccttgattgtttcatcaagacataaaaaatgacggacctttt  
gctttttataaggggttcatacctaaatggacggctaggtacttggaaatgtgatcatgttttaac  
tctagagcagctaaaaagtagctcaaaaagattagaatcagcttgaactcaaacagctagcagtagaa  
ttttctggagactgccctcaaatgcaatggacattttcaaggaataaaaacttctcttcatgtttgt  
taattggaatgttccaaaatattcttttgggggggaaggaagtaataataaatgaccatgggttat  
gccatgtctctgtaatt

>Phaseolus vulgaris UCP1b (proteína deduzida)

MVGGGSSKSDISFAGTFASSAFAACFAEVCTIPLDTAKVRLQLQKQAVVGDVVTLPKYRGMGLTVGTI  
AREEGLSALWKGIVPGLQRQCLNGGLRIALYEPVKNFYVGPDPHVDVPLFKKILAGFTTGAMAIIVAN  
PTDLVKVRLQSEGKLPVPRRYTGSLNAYSTIVRQEGVGLWTGIGPNITRNGI INAAELASYDEVK  
QNILKIPGF TDNVLTHLLAGLGAGFFAVCVGSPVDVVKSRMMGDSSYKSTLDCFIKTLKNDGPF AFYK  
GFIPNFGRLGSWNVIMFLTLEQAKKYVKRLESA

>Phaseolus vulgaris UCP2 (cDNA deduzido)

atgctcagatccgaaccagatttcgttctctatagccttcttctgcagcgttttcgcccgttgttttgc  
cgaatgtttgtaccattcctctggacactgctaaagtcaggcttcaactacaaaagaaggtaggggttg  
atactgaggtcggtttacctaaatacaagggcttgcctgggacagtttaagaccattgctagagatgag  
ggatatacagctctgtggaaggaattgttctggtttgcatcgccaatgtttatatggaggcttaag  
aatcgggttatatgatctctcaaaaacatttcttggtagtgattgttggagaggttccaatat  
accatgatcctggctgctctgcttactggctttagcaatcacgattgctaatccaactgacctt  
gttaaagttaggcttcaatctgaaggtcaactcccatctggtgtacctaggcgttattctgggtgctat  
agatgcgtatttaactatattgagacaaggaataggggccttgtggactgggcttgggccaaca  
tagcaaggaatgcaattataaatgctgctgaattagctagctatgatcaagtgaaacgacgattttg  
aaaattccaggggttcatggacaatgtctatactcaccttcttgcctggtttaggggaggtctttttgc  
cgtattaattggttctcctggtgatgtggtgaaatccaggatgatgggggattcaactacaagagca  
catttgattgctttgtcaagactttgcttaatgagggatttttggctttctataaaggtttccttcca  
aattttggctcgagtaggagcctggaatgtgcttatgtttcttacttttgaacaagcgaagaggttt  
gagaggttaaa

>Phaseolus vulgaris UCP2 (proteína deduzida)

MSDPNQISFSIAFFCSAFAACFAEFCTIPLDTAKVRLQLQKQVVDTEVGLPKYKGLLGTVKTIARDE  
GISALWKGIVPGLHRQCLYGLRIGLYDPVKTFVLVGSFAFVGEVPIYHMILAALLTGALAITIANPTDL



VKVRLQSEGQLPSGVPRRYSGAIDAYLTILRQEGIGALWTGLGPNIARNAI INAAELASYDQVKRTIL  
KIPGFMDNVYTHLLAGLGAGLFAVLIGSPVDVVKSRMMGDSTYKSTFDCFVKTLLNEGFLAFYKGFLLP  
NFGRVGAWNVLMLFTFEQAKRVLRG

>Phaseolus vulgaris UCP3 (cDNA deduzido)

attgttgatgtacatgtacatgtatctttcaattacctgtgggttttctgggtgctgatagagc  
agaaccgtgtcatcatccactgctccgaatggctgaggaaaattagaatctaaccgtcgatgtctgat  
gagtaggttacgtacaggaagaagcattgcagtcaaaagattccatttttaataacagtcactgggtt  
ccttgaatagccttgtgggtgacttaggtatttcttgaatgtacccaaataaccaggccatcaaaat  
gttggagttgatagtgtctcaaacaaaggtcttagtaacatcattctcagctatgggtggctgaaaccac  
gactttccccgtagacttgatcaaacaaagactccaactgcatggatcactttcatcgagttctc  
ccgctagcgcatttcgagtaggcttgggcattgtccgtgaacaagggtgtgttggcctttacagtgcc  
ctgtctccagcaattattagacacctgttctacacgcctattcgaattgttgggtatgagcacctgag  
aagtgtgggtttctgctgataatgggtcattctctgttggcaaggctgtagtccgtggagcctctg  
gtgtcgtgggtcagattatagccagccctgccgatcttgtcaagggtgaggatgcaagctgatggccaa  
aggatgaaccaaggctcatcaacctcggtattcggggccatttgatgctctgaacaaaattgtccgagc  
tgaaggatttagaggactgtggaagggtgtttccctaataatccaaagagccttccctagtgaacatgg  
gagaacttgccgtttatgaccatgctaaacaatttggttattagaagtaggatagccgatgataatgtt  
tatgccacacattagcttccatcatatccgggttagctgcaacttctttaaagttgtccagctgatgt  
tgtgaagactagaatgatgaatcaagcagccaaaaaggaaggaaagttttatataatagctcttatg  
attgcttggtaagacagtaaaagtgaaggaacaagagcattgtggaaaggattttccccacttgg  
gcaaggcttggccatggcaatttgtgttctgggtttcctatgagaagtttaggaaatttgcagggct  
ctcttctttctaaatattggtattttgatttatagtgccattcattcctacataataaattcactaatca  
cggcctacggggtaacaccagatctcccactcttttcaacttttagcttagtgataattttttggg  
ataaattacaagtctctcttttaagagaggattaaattata

>Phaseolus vulgaris UCP3 (proteína deduzida)

MKPGHQNVGVDQAQTKVLVTSFSAMVAETTTFPVDLIKTRLQLHGESLSSSSPASAFRVGLGIVREQG  
VVGLYGLSPAIIIRHLFYTPIRIVGYEHLRSVVSADNGSFSVVGKAVVGGASGVVAQIIASPADLVKV  
RMQADGQRMNQGHQPRYSQPFDAFNKIVRAEGFRGLWKGVPNIQRAFLVNMGELACYDHAKQFVIRS  
RIADDNVYAHTLASIIISGLAATSLSCPADVVKTRMMNQAAKKEGKVLNSSYDCLVKTVKVEGTRALW  
KGFFPTWARLGPWQFVFWVSYEKFRKFAGLSSF

>Phaseolus vulgaris UCP4 (cDNA deduzido)

gacaaaacgtcccagcatatgtctcagaggcccacgggtccacactcttcttccatagcctgtggcct  
ccattcccattctcctgggtctccagtgagatgaaccctaattccaattggtcccaatagcttcaaattt  
ctctactttccatctcattctttttacaaaaccactaactctacttataacccttattcattcccat  
tctcattttccgacacaacaaaaacatcattgggtgtcaaaaggtttcgtagagggaggcatcgcttcca  
tcatcgccgggtgttcaacgcaccacttgatttaatacaaggtccgcatgcagctccagggcgaatcc  
aacgctcccaaaccgggttcacaatctccgaccgcactcgcttccaaaccgggttcaaacctccagct  
gtcagccattccgcaggcccgcgtgggccccatcgcggttggcgtccgcctcgttcagcaagaaggcc  
ttgcccctcttctccggcgtctctgccaccgtcctccgcccagacactctactccaccaccgcagtg  
ggctctctacgacatcctcaagaccaagtgaccgaccctgccgcccggcaccatgctctcggccgca  
gatcgaggccggcctcatcgccggcggcatcggagccgcccgtcggaaaccggccgacgtcgcgatgg  
ttcgaatgcagggcgcagggccttccgctggcggagcggcgcaattacaagtcgctcgtggagcgc  
atcttgcgaatggcgcggcaagagggcgttactagcctctggagaggttcatcgcttacggtgaaccg  
cgccatgctagtaccgcgtcgcagctcgcgtcgtacgaccagttcaagagacgattctcgagaagg  
gcttgatgcgcgatgggctcgggaccacgtcacggcgagcttcgcccgggattcgtggcggctgtg  
gcgtcgaaccccggtggacgtgatcaagacgaggggtgatgaacatgaaggtggagcccggggcgccgc  
accgtacgcccggcgcgttggattgtgctctgaagacgggtgcgagcggagggggccatggccctctaca

agggtttcattcctacgatctcgaggcaggacccttcaccgttgtgctgttcgtgacgctggaacag  
gttcgcaagctgcttaaggatttt **tga**gtggtagatcgacgaagatgacgacgaaaatgcttctttcc  
ttttcaataagatctggtatgtttggcggtgtgttgggatagtgatgtttagctctagaatggtaa  
ttttgtttcttatcttgcctatattatcaatgagaagtaacctttcagttttctaattgggtttttgaca  
ccataaattatagcttatggaaattgtgatcttgttttttctttcttgcaatcaaccttaagaatttt  
gtttaggtaatttgattcctctggattagattatgagttagaattttgtgtttgtgagtgttcttactt  
tcccacaacccaacgcaacacgggtctgggacatgagacgcgtaagtccttgctctttgtata

>Phaseolus vulgaris UCP4 (proteína deduzida)

MGVKGFVEGGIASIIAGCSTHPLDLIKVRMQLQGESNAPKPVHNLRPALAFQTGSNLHVSAIPQARVG  
PIAVGVRLVQQEGLAALFSGVSATVLRQTLYSTTRMGLYDILKTKWTDPAAGTMPLGRKIEAGLIAGG  
IGAAVGNPADVAMVRMQADGRLPLAERRNYKSVVDAILRMARQEGVTSLWRGSSSLTVNRAMLVTASQL  
ASYDQFKETILEKGLMRDGLGTHVTASFAAGFVA AVASNPVDVIKTRVMNMKVEPGAPPPYAGALDCA  
LKTVRAEGPMALYKGFIP TISRQGPFTVVL FVTLEQVRKLLKDF

>Phaseolus vulgaris UCP5 (cDNA deduzido)

ccggcgcgctctcttactttgactctcttacgcgcacaaataacccaaccactatatattcatcttcaa  
acccttccttctctccacacaaaacaaaaacactaagcactttttctctttctctctgtgactttc  
aatcatacacttcatatacactacactactactttttctgtccaactaagc **atg**actctcaaagggttt  
ttcgaaggtggcggttgcttccatcgttgcaggctgcaccaccaccactagacctcatcaaagttcg  
catgcagcttcaagaaacgcacacgcacaacctccgtcccgcggttgcgcttcacgcgccactccaa  
tgccgcctccgccaccttccggacctatccgctcgggtgtccgcatagtccagtcggagggcggtggcc  
gcgctctttccggggctctccgccactatgctccgccagacctgtactccaccaccctgatgggcct  
ctacgacgtgctcaagcgc caatggaccgaccccgagcagggcaccattcccctctcgcgaaagataa  
cggcgggtctcgtcgcgcggaggatcggggcagccgtggggaaaccccgagacgtggccatgggtgcga  
atgcaggccgatgggcccgtccggcggcggagcggcgcaactacaagggcggttcgacgcgatacg  
gcgcatgagcaatcaggaggggggttggcagcctgtggcgcggctcggcgctaacggtgatcgggcga  
tgatcgtgacggcttctcagttggcctcgtaaccagtttaaggaaactatcctcggacgcgggtgg  
atggaggatgggcttgggaccacgtggcagcagttttgcccgggttttgggcttctgttgcgctc  
gaaccctattgatgttataaagacaagggatgaacatgaaggttgatgcttacaatggggccttgg  
attgtgctctgaagactgttcgggctgaaggacctcttgcctttataagggtttcatccctacaatc  
tcaaggcagggcccttttacggttgtgctctttgtcaccctcgaacaagt caggaaactgcttaagga  
cttt **tga**attttgattttcacaccatacggaccactccctatattcaatattcattcattgggtgaga  
tacatattcagacgatcacgaaccatttgtaacctttgattctttttatttacggattagttaactt  
ggagattcatatttttatattccaatttcatcaaatatgtctaccaacagtgtaaacgtttgagttta  
tatgctagaaatgtaattttacacatctgctactaagaaaataaactactatgaaa

>Phaseolus vulgaris UCP5 (proteína deduzida)

MTLKGFVEGGVASIVAGCTTHPLDLIKVRMQLQETHHNLRPAFALHAPTMPPPPPSGPISVGVRIV  
QSEGVAALFSGVSATMLRQTLYSTTRMGLYDVLKRQWTDPEQGTIPLSRKITAGLVAGGIGAAVGNPA  
DVAMVRMQADGRAPAAERRNYKGVFDAIRMSNQEGVGSLSLWRGSALTVMRAMIVTASQLASYDQFKET  
ILGRGW MEDGLGTHVAASFAAGFVASVSNPIDVIKTRVMNMKV DAYNGALDCALKTVRAEGPLALYK  
GFIP TISRQGPFTVVL FVTLEQVRKLLKDF

>Medicago truncatula UCP1a (cDNA deduzido)

gaatacacagcgatcaaagaaaaagaaaaagaacaacccaatttctcaactctcatttctcacacg  
caacgcaacctttcgattccttcttcattattggttgc **atg**gttgcagattccaaatccaacctctca  
tttgggtccaaccttcgctagcagtgctttctccgcagtgttcgcgta **gg**ttgtaccatacctttgga  
caccgcaaagttaggcttcaacttcaaaagcaagctgtagctgggtgatgtatcctccttgctaaat  
ataagggatgctgggaacagttggaacaattgccaggggaagaaggtctttcagcactctggaagggc

attgtgccagggtacatcgtcaatgtttgtatggaggattaagaattggggttgatgagcc<sup>tg</sup>ttaa  
gactttctacacggggagtgaccatgttggcgatgttccactgtcaaagaaaattctagctgcattta  
cgacagg<sup>tg</sup>tgtgtggcaattatgggtggcaaatccaactgatccttgtcaaagtaagacttcaagcagaa  
ggaaaattacctcctgggtgttcccaggcgctactctggatccttgaatgcttattcgtcaatcgtgag  
aca<sup>gga</sup>aggagttcgagctctatggacagggcttgggtccaacatagcgagaaatggattatcaacg  
ctgctgaactagctagctatgatcaagtgaacaga<sup>ga</sup>ctat<sup>ttt</sup>gaaaatccgggattcaccgacaat  
gtt<sup>g</sup>taactcatctctt<sup>g</sup>ctggccttggagcagggtttt<sup>tc</sup>gctgtctgtatcggctccccgggtga  
tgt<sup>gg</sup>tcaagt<sup>cg</sup>agaatgatgggagattctagttacaaaagcacccttgattgctt<sup>gt</sup>caaacct  
taaagaatga<sup>tg</sup>gacctt<sup>tg</sup>gcgttttataaagggtt<sup>cct</sup>cccaaattt<sup>tg</sup>gacggctaggatcct<sup>tg</sup>  
aacgtgattatg<sup>ttt</sup>ctaaccctagaaca<sup>gc</sup>ctaaaaagtt<sup>cg</sup>ccaaaagtt<sup>tac</sup>agctcgtcat<sup>tga</sup>gc  
tcaatcaatttcatggagtggtt<sup>ct</sup>atggggacattt<sup>tg</sup>caaatgcaaatgcagttgaaattgtaga  
aaataaagtcctt<sup>ctt</sup>cat<sup>ttt</sup>tactaactaggatgtagtcaaacattt<sup>ttt</sup>cagaggagaaaaacat  
gaaagttcaacaaatgaaaatatt<sup>ct</sup>atagatactt<sup>ct</sup>agcttacaattgcaatcct<sup>ttt</sup>gtaggat  
tgcattgctctt<sup>t</sup>caatgtaataatt<sup>ct</sup>ctt<sup>cag</sup>at<sup>ttt</sup>tactacgaacgtt<sup>cct</sup>gggtcgacatgatatg  
agattc<sup>ttt</sup>ta

>Medicago truncatula UCPl<sub>a</sub> (proteína deduzida)

MVADSKSNLSFGPTFASSAFSACFAEVCTIPLDTAKVRLQLKQAVAGDVSSLPKYKGLGTVGTIAR  
EEGLSALWKGIVPGLHRQCLYGGLRIGLYEPVKTFYTGSDHVDVPLSKKILAAFTTGAVAIMVANPT  
DLVKVRLQAEGKLPPGVPRRYSGLNAYSSIVRQEGVRLWTGLGPNIARNGIINAAELASYDQVKQT  
ILKIPGFTDNVVTHLFAGLGAGFFAVCIGSPVDVVKSRMMGDSSYKSTLDCFVKTLKNDGPLAFYKGF  
LPNFGRLGSWNVIMFLTLEQAKKFAKSLQSS

>Medicago truncatula UCPl<sub>b</sub> - alternativo (cDNA deduzido)

ttaatcgtaacattt<sup>tc</sup>g<sup>ttt</sup>tgaagcagct<sup>atg</sup>gtgggaggtggtaacgcgaattccgatatctca  
ttcgttggcactt<sup>tc</sup>gccagtagtgctt<sup>ct</sup>ctgcatgtt<sup>tc</sup>gctga<sup>ga</sup>tatgtactattc<sup>ttt</sup>tgga  
cactgccaaagttaggcttcaacttcaaaagcaagctgtagctggatgacgggtgagcttacctaaat  
acaagggtatgctgggaacagttggaaccattgccaggggaagaaggctt<sup>tc</sup>cagcactctggaagggga  
attgtgccagggttacatcgtcaatgtttgtatggaggattaagaattggggtatacgaacc<sup>tg</sup>ttaa  
gaattt<sup>gt</sup>atg<sup>tt</sup>gggaaagaccatg<sup>tt</sup>ggagatgctccg<sup>tt</sup>gacaaaaaaatt<sup>ct</sup>tgctg<sup>c</sup>actaa  
caact<sup>gg</sup>tgctgtggcaattg<sup>cg</sup>gtggcaaatc<sup>ct</sup>actgatc<sup>tt</sup>gtcaaagttagacttcaagcggaa  
gggaaattg<sup>cc</sup>ctcaggcgtg<sup>cc</sup>caggcgatacactggatcgttgaatgcatattcaacaattatgag  
aca<sup>gga</sup>aggaatcggagctc<sup>tt</sup>ggactggaattgg<sup>cc</sup>caatgtt<sup>g</sup>caagaaatgctatcattaatg  
ctgctgagctagccagctacgatcaagtgaacaga<sup>ga</sup>ccattt<sup>g</sup>aaaatccaggattcactgataat  
gtt<sup>gt</sup>ccacacatc<sup>tt</sup>ctt<sup>ct</sup>ggtc<sup>tt</sup>ggggcagggtt<sup>ct</sup>ttg<sup>c</sup>agctctgtattg<sup>g</sup>ctctccagttga  
tgt<sup>gg</sup>ttaagtcaagaatgatgggagattctagttacaaaagcagattgattg<sup>tt</sup>ctc<sup>g</sup>taaaacat  
taaaaaatga<sup>tg</sup>gacctt<sup>ag</sup>c<sup>ttt</sup>tataaagggtt<sup>ca</sup>taccaaatt<sup>tc</sup>ggacggctaggatcgtgg  
aatgtgatcatg<sup>ttt</sup>taactagaacag<sup>gtatga</sup>gttgggtactt<sup>tg</sup>gatagctt<sup>tt</sup>gagtcac<sup>c</sup>  
atccattactt<sup>tt</sup>gtcaccctatctcatggattt<sup>ct</sup>agattat<sup>ttt</sup>tataacatataatg<sup>tt</sup>gtt  
gtagcagagttcagaaaatccaaaatt<sup>tg</sup>caaaaacaatt<sup>tc</sup>g<sup>t</sup>cattagtagatcaagatgacttaga  
tattgacaatgg<sup>ttt</sup>gagaagcatgtgtgacaaa

>Medicago truncatula UCPl<sub>b</sub> - alternativa (proteína deduzida)

MVGGGNANSDISFVGTFASSAFSACFAEICTIPLDTAKVRLQLKQAVAGDTVSLPKYKGLGTVGTI  
AREEGLSALWKGIVPGLHRQCLYGGLRIGLYEPVKNLVYVGDHVDAPLTKKILAAALTTGAVAIIVAN  
PTDLVKVRLQAEGKLPPGVPRRYTGSLNAYSTIMRQEGIGALWTGIGPNVARNAIINAAELASYDQVK  
QTILKIPGFTDNVVTHLLSGLGAGFFAVCIGSPVDVVKSRMMGDSSYKSTIDCFVKTLKNDGPLAFYK  
GFIPNFGRLGSWNVIMFLTLEQ<sup>V</sup>

>Medicago truncatula UCPl<sub>b</sub> (cDNA deduzido)

ttaatcgtaacattt<sup>tc</sup>g<sup>ttt</sup>tgaagcagct<sup>atg</sup>gtgggaggtggtaacgcgaattccgatatctca  
ttcgttggcactt<sup>tc</sup>gccagtagtgctt<sup>ct</sup>ctgcatgtt<sup>tc</sup>gctga<sup>ga</sup>tatgtactattc<sup>ttt</sup>tgga  
cactgccaaagttaggcttcaacttcaaaagcaagctgtagctggatgacgggtgagcttacctaaat  
acaagggtatgctgggaacagttggaaccattgccaggggaagaaggctt<sup>tc</sup>cagcactctggaagggga  
attgtgccagggttacatcgtcaatgtttgtatggaggattaagaattggggtatacgaacc<sup>tg</sup>ttaa

gaatttgatggtgggaaagaccatggtggagatgctccgttgacaaaaaaattcttgctgactaa  
 caactgggtgctgaggcaattgcggtggcaaatcctactgatcttgtaaagtttagacttcaagcggaa  
 gggaaattgcctccaggcgtgccaggcgatacactggatcgttgaatgcatattcaacaattatgag  
 acagggaaggaatcggagctctttggactggaattggcccaatggtgcaagaaatgctatcattaatg  
 ctgctgagctagccagctacgatcaagtgaacagaccattttgaaaattccaggattcactgataat  
 gttgtcacacatcttcttctggtcttggggcaggttcttgcagctctgtattggctctccagttga  
 tgtggttaagtcaagaatgatgggagattctagttacaaaagcacgattgattggttcgtcaaaacat  
 taaaaaatgatggacctttagccttttataaggggttcataccaaatttcggacggctaggatcgtgg  
 aatgtgatcatgttttaacactagaacaactaaaaagttcgtcaaaaaatttggaaatcagccttagc  
 tcaacaaggaccactaggattttattagaaggccgcaaccgggggtgcaaacagaaatcatcaagaa  
 aataaatctcttctcttttttttttttt

>Medicago truncatula UCP1b (proteína deduzida)

MVGGGNANSDISFVGTFASSAFSACFAEICTIPLDTAKVRLQLQKQAVAGDTVSLPKYKGLMGTVGTI  
 AREEGLSALWKGIVPGLHRQCLYGGLRIGLYEPVKNLYVKGKDHVGDAPLTKKILAAALTTGAVAIIVAN  
 PTDLVKVRLQAEGKLPPGVPVRRYTGSLNAYSTIMRQEGIGALWTGIGPNVARNAI INAAELASYDQVK  
 QTILKIPGFDTNVVTHLLSGLGAGFFAVCIGSPVDVVKSRMMGDSSYKSTIDCFVKTLKNDGPLAFYK  
 GFIPNFGRLGSWNVIMFLTLEQTKKFVKKLESA

>Medicago truncatula UCP2 (cDNA deduzido)

attgcagcaacaacaagatctaactttaatttaaccgaaagcaatcgttttcatttgatgctattgct  
 tctactttcacaaatcttcttcgccattaacaacaacaatgcaatctcagatcccaaccatattacc  
 ttcgctcaatccttctctcgcagcgttctcgcgcttcttgcgctgagtttgactattcctctgga  
 cacggcgaaagtgagacttcaactacaaaagaaaggaggtgttggtgatgatggaatgggtttaccta  
 aatataaaggtttacttggaaactgttaaaactattgctagagaagaagggtttcttctttatggaaa  
 ggcattgttctggtttacaccgtcagtggttgatggtggtttaagaattgccttatatgatccgt  
 gaaaacttttctggttgctgcatgttggtgagaagttccttctgtatcatatgatacttgcgtgctc  
 ttctaactgggtgctttggcaatcactatcgtaatccgacagatctagtcaaagttaggcttcaatct  
 gaaggccagttgccatctggggtagcccaagcgtattctggtgctatggatgcataatttaccatatt  
 gagacaaggaaggttaggggcttctggtgactggactgggcttaatatagcacggaatgcaattataa  
 atgctgctgaactagctagttatgatcgagtgaacagcagattttgaaaattccaggattcatggac  
 aatgcctttactcacctcctagctggcctaggagcaggtcttttctgctgctttatcggttctcctgt  
 tgatgtggttaaatccaggatgatgggggactcaagctacaaaacacatttgactgtttctcaaga  
 cctgttcaatgagggatttttggccttttacaaggttcttccaaattttgggtcgagttaggagtt  
 tggacgtgattatggttcttacccttgaacaagccaagagagtttttagaggatagatattggttact  
 tttcacgacgattagattcagcaatcagaaacgcagtttcttctcggacgagcgtagctaccaaca  
 cttttggatttgctgcccagaaagattttatttctgacttctgccatgcccagatagaagtcatgcctc  
 atagtcatatgttctcgtagtcgaataaaacgtcggattacatttatattggttctcactgcatg  
 tgggtagtggtatgaccattcatatatttcttagccaatgaatatgcccgtcaaattacattccctta  
 taggtgtacactgtattgtattatgacatgtcatttttctgggaaatacattacttttcccaactc  
 agtgaacagaccaatgaaatgtaacatgtataaagaccaatttagagttatataatttatttctcta  
 ttcaatcaaa

>Medicago truncatula UCP2 (proteína deduzida)

MSISDPNHITFAQSFLCSAFAACFAEFCIPLDTAKVRLQLQKKGVDGDDGMGLPKYKGLLGTVKTI  
 REEGVSSLWKGIVPGLHRQCLYGGLRIALYDPVKTFVGAFAFVGEVPLYHMILAALLTGALAITIANP  
 TDLVKVRLQSEGQLPSGVPKRYSGAMDAYSTILRQEGGLGALWTGLGPNARNAI INAAELASYDRVKQ  
 TILKIPGFMDNAFTHLLAGLGAGLFAVFIGSPVDVVKSRMMGDSSYKNTFDCFLKTLFNEGFLAFYK  
 FLNPNFGRVGVVNVIMFLTLEQAKRVFRG

>Medicago truncatula UCP3 (cDNA deduzido)

ttcattgtcttagaatagccagccagccagccccgtgcatattttattttggcgagttgggttttctt  
 gtatgtaccaatgaaatcaggcaatcaagttgacaatactcatacaaagattttgctaacatcattat  
 cggcaatgggtggccgagtcacaacttttccatagacttgatcaaaaccaggctccaactccatggg  
 gactcactttcatcaactcgtccaaccggtgcatttcaaataggcctagacattattcgtcaacaagg

tctctttgctttataagggttgtctccagcaattttaagacacctattctacaccctattcgaa  
 ttgttgggtatgagcacctgaggagtgttatttctctgataatgggtcgccctctatcattggcaag  
 gctgttgttgggtggaatctctggcagatggctcagggtatagcaagcccggtgatcttgtcaaggt  
 gaggatgcaagctgatagtcaaagatgatgagaaaaggtcttcaacctcggattcagggccaattgatg  
 cttttaacaaaatcattaaagctgaaggatttcaaggactatggaagggtgttttcttaatatccaa  
 agagccttcttagtgaacatgggggaattagcctgttatgatcatgctaacaatttgttattaaaag  
 taagatagccgaggataatgtttatgcccacacattagcttccatcatgtcagggtcttgcggcaactt  
 cttaagttgtccagccgacgttgtcaagactagaatgatgaatcagacagctaaaaaggaagggat  
 gtcttatatagaagctcttatgattgcttgggtgaagacagttaaagttgaaggaataagagcactctg  
 gaaaggattcttcccacatgggcaaggcttgggtcagtggaatttgttttctgggttccctatgaga  
 agtttagaaaacttgcctgggctctcttcttcttaggacattattttgatttatgctgttaaacattca  
 ttcaagataaaaattcacaattcacagcct

>Medicago truncatula UCP3 (proteína deduzida)

MKSGNQVDNTHKILLTSLSAMVAESTTFPIDLIKTRLQLHGESLSSTRPTGAFQIGLDIIRQQGPLC  
 LYKGLSPAILRHLFYTPPIRIVGYEHLRSVSISSDNGSPSIIKAVVGGISGSMQVIASPADLVKVRMQ  
 ADSQMMRKLQPRYSGPIDAFNKIIKAEGFQGLWKGVPNIQRAFLVNMGELACYDHAKQFVIKSKIA  
 EDNVYAHTLASIMSGLAATSLSCPADVVKTRMMNQTAKKEGNVLYRSSYDCLVKTVKVEGIRALWKGF  
 FPTWARLGPWQFVFWVSYEKFRKLAGLSSF

>Medicago truncatula UCP4 (cDNA deduzido)

aaacaacattcatagtttcttagcatatgtctcagagacctaacgttctcactcttcttccatagcc  
 tgtggccttcattcccctctctgggttccagtgagatgagctctaactctaattgggtctttttccaa  
 tcccagtagaactagtttcttactactatcaattaaattcattattaccccccaatattcatttt  
 tattctttgaaacttattgaaacccttttctataactaactcagaaacaacaacaaaaaacaccatg  
 ggtgtcaaaggtttgttgaagggtggtattgcttcaatcatagcaggatgttccacacatccactaga  
 tcttattaagggttcgatgcaacttcaagggtgaaaacgcgcctaagccgaaccagttcagatccttc  
 gaccggctcttgcttccgggtcaaaccggaacaactacgatccatggtgggtctactccggttccctcag  
 cctcgtgtgggccttgtctcagtcggagtcctgttcaacaagaagggtgtaacagcttctgttctc  
 tggcatctccgccaccgtgctcaggcagacactgtactccaccaccaggatgggactttacgaggttt  
 tgaaaaacaagtggacagatcgtgaagctgggtggcactatgccgctggttcgcaagatcgaggctgga  
 ctatttgcctgggtgggttgggtgctgctatcggtaaccccgccgatggtgcatggttcgaatgcaagc  
 cgatgggagactcccaccggctcagcagagaaactacaaatctgttgttgacgccattaccagaatgg  
 cgaagcaggaagggtgtgactagctctctggcggggtcatcattgactgtgaaccgcgccatgctggtc  
 acagcttcacagctggcttcatatgatcaattcaaggagatgattcttgagaagggtgttatgctgga  
 tggccttgggaccatgtgacagctagtttgcagcgggatttgtggcggcggttgcgtcgaatccag  
 tggatggttattaagacaagggtgatgaacatgaagggtggaggctggaaaggaaccaccctatgctggt  
 gcttggattgtgctttgaagacagttcgtgctgagggctctatggctctttacaagggttatttcc  
 tacaatttcaaggcaggaccttctactgttgttctgttctgttactttggagcaagttcgaagttgt  
 tgaaggatttctgagttgcttagattgatgatggcgaagatttttagtttttaagttgattccaataaa  
 ctctgttttaatttttcttctaatgtggttgttctagatggtaattttgatataatgaaaaccatga  
 ttttaaatgatgtgcagatcttatatcggaatgacaaaacaccagaaaatgtgggttatgctactta  
 tgatattcatattgaatattaatcacctat

>Medicago truncatula UCP4 (proteína deduzida)

MGVKGFVEGGIASIIAGCSTHPLDLIKVRMQLQGENAPKPNPVQILRPALAFGQTGTTTIIHVGSTPVP  
 QPRVGLVSVGVRLVQQEGVTALFSGISATVLRQTLYSTTRMGLYEVLKNKWTREAGGTMPVLRKIEA  
 GLIAGGVGAAIGNPADVAMVRMQADGRLPPAQQRNYKSVVDAITRMAKQEGVTSLWRGSSSLTVNRAML  
 VTASQLASVDQFKEMILEKGVMRDGLGTHVTASFAAGFVAAVASNPVDVIKTRVMNMKVEAGKEPPYA  
 GALDCALKTVRAEGPMALYKGFIPITISRQGFPTVVLFVTLQVRKLLKDF

>Medicago truncatula UCP5a (cDNA deduzido)

```

gggtcccaccctcctacagcaggctatatatactttcccaacatcacttcccatttctcaaaact
tggaaaacgccgttgccggcgcttttcttctccaatccctcgccggaaccaaccactctcacatcaa
ctataatgggtgtcaaagcatttcttgaaggtggcattgcttccatcgtcgccggaagcaccactcac
ccactcgacctaatcaaagtcgaatgcagcttcaaggcgagaagaatctccctcttcgccccgctta
tgcttttcatcactcttcacattctccgccaatctttcaccctaaaccctctgcttcaggaccatct
ccgtcggaatccgcattgttcaatctgaaggtatcaccgctcttttctccggcgatccgccaccgctc
ctccgtcaaacactctattccaccacacgtatgggtctctacgatgttctcaaacaaaactggaccga
tcagaaatcggaacaatgccggtaacgaaaagattacagcagggttaatcgccgggtggaatccggcg
ccgccgtggggaatcctgctgacgtggcgatgggttcgatgcaagctgacggcagacttccggatgaat
cagcgacgggattacaaaggcgtgtttgatgcatcggagaatggcgaatcaagaagggtatgggttc
tctgtggcgagggttcagcgcttacgggtgaaccgcgcgatgatcgtaacggcttcgcaattagcttcgt
atgatacattcaaggagatgattttggagaaaggatggatgaaagatgggtttgggaccacgctggtta
gaggttttgcggcggtttttggcgcggttgcgtcgaatccaattgatgtgataaagactaggggt
tatgagatgaaggtgggatctgggtgggagggtgcaccgtataaagggtgcacttgattgtgctggtta
agactgtacgtgctgaaggggttatggctctttataagggttttattcctacaatttcaagacagggt
ccttttactgttgttcttttgtcacgcttgaacaacttaggaagctgcttaaggatttttgatgaat
cttttattcattattaattttctaagatgattaactgatgaataagttctattttatgtagggattag
tataagttaggatattttgatggttcacaatattttacactga

```

>Medicago truncatula UCP5a (proteína deduzida)

```

MGVKAFLEGGIASIVAGSTTHPLDLIKVRMQLQGEKNLPLRPAYAFHHSSHSPPIFHPKPSVSGPISV
GIRIVQSEGITALFSGVSATVLRQTLYSTTRMGLYDVLKQNWTDPEIGTMPVTKKITAGLIAGGIGAA
VGNPADVAMVRMQADGRLPVNQRRDYKGVFDAIRMANQEGIGSLWRGSALTVNRAMIVTASQLASYD
TFKEMILEKGMKDFGTHVVASFAAGFLAAVASNPIDVIKTRVMSMKVSGGEGAPYKCALDCAVKT
VRAEGVMALYKGFIPITISRQGFPTVVLVFTLEQLRKLKDF

```

>Medicago truncatula UCP5b (cDNA deduzido)

```

cttcacaatcattcttttcccttccaaacacacttgcataaattcctctatttcccaatataactt
cacaacacaaaacctcgttttcgttttcacacatggtttcttcttttgtcacatgtctcaaacccttta
cgttcctcaatcttgtttcatagtaacttttgatattcattcccaacctaaacttcaattagtcctct
cttaccaccttccataatttgagatccgtttatttctgttacataaacaatctcatagaaaatattt
cccaaaaattctattgacaaaatcaacacaacccttttcttcttattcgttgtcgcaaactttttgt
gccaattaatcgcaatgggtgtgaaaggtttcgtcgaaggaggcatagcttccatcattgcagggtgt
tcaacacaccctcttgatctcatcaaggttcgaatgcagcttcaaggagagaatgctcctacaaccaa
tatccgaccagcattagctttccaaccgggttcgggttcacggtcaccagcgggtgacggcccaaccgc
cccgtgttgggccgatcgccgttgggtgtaagctagtccaacaagaagggtgtagcagcacttttctcc
gggtctctgcccaccgttctccggcagtgctctattccaccactcgtatgggactctatgatatgat
gaagaaaaaatggtctgatcctatctccggtactttgcccgttgacaagcaagattggagcggggctgc
tagccggtgggattggcgcggtgtcgggaatccggctgatgtggcaatgggttaggatgcaggccgat
ggaagacttccatcgccccaaagaagaaactataaatctgtcgtcgacgccatctccaggatggcgaa
agacgagggagttactagcctatggcgcggttcacctctgacagtgaccgcgccatgttgggtaccg
catcacagctggcatcctatgatgagtttaaggaaaagattttgaaaaatgggtgggatgaaggatggg
cttgggaccatgtggttagcgagttttcggcaggttttgtggccgcggttgcacgaatccagtgga
tgtgattaagactaggggtgatgaatatgaaggtggaggctggatcgctccaccttactccggtgcca
ttgattgtgcttgaagactattcgtgctgaggggtcctatggctctttataaggggttttattcctaca
attacaagggcaggaccgtttaccgttgtgttgtttgttacattggaacaggttcgtaagttgcttaa
ggatttcttaaggtagatgcatgatgatgaagaattatgtttcgaacaaccttaataatgctcttttta
gtcagattttttatttttagatttaattatggttataatataatgttatttagtttagtgattccaata

```

gtgtgttaccgattgtgattgaattctgtaccaagaattggtgcttagaatttggattatgagaaatt  
attactatagtttttaatttttaattcttgagattctaaagtt

>Medicago truncatula UCP5b (proteína deduzida)

MGVKGFVEGGIASIIAGCSTHPLDLIKVRMQLQGENAPTTNIRPALAFQPGSVHRSPAVTAQPPRVGP  
Iavgvklvqqegvaalfsgvsatvrlrqclysttrmglydmmkkkwsdpisgtlpltskigagllaggi  
gaaavgnpadvamvrmqadgrlp saqrrnyksvvdaisrmaKDEgvtSLWRGSSLTvNRAMLVTASQLA  
SYDEFKEKILKNGWmkDGLGTHVVASFSAGFVAAVASNPVDVIKTRVMNMKVEAGSPPPYSGAIDCAL  
KTIRAEgPMALYKGFIPtITRQgPFTVVLfVTLEQVRKLLKDF

>Cicer arietinum UCPla (cDNA deduzido)

accaatttccaaataccacattacttcacttacagagcgcttgtttcaaaacaaaagcaaaagtgat  
caaagggaaagaaagaaaggaacaacccaaattctcaattctcaaacgcaacctttcggttccttctt  
catttttctctgaattattaatatttattattatttgacatgtagcagcagattctaactccaaa  
tccgacatctcttctcgctggaatcttggccagcagtgcttctccgcatgttctcgctgagattgtac  
cataccttgggacactgccaagtttaggcttcagctccaaaacaagctgtagctggtagttagtct  
cattacccaaaatacaagggatgctgggaacagtttcaaccattgccagggagaaggtcttccagca  
ctatggaagggcattgtcccagggctacatcgtaacatgttggtagggagattagaattgggttata  
tgagccgtaagactctctatacgggaagtgaccatgttggtagtctccactgtcaagaaaattt  
tagctgcatttacgactgctgtgtgcaataacagtggaacccaactgatcttgtcaaagtaaga  
cttcaagcagaaggaattacctccgggtgttcccaggcgctactcaggatctttaaagtcttattc  
gtcaatcgtgagacaggaaggagttggagctctatggacagggcttggcctaacaatagcaagaaatg  
gtattatcaacgctgctgaactggccagctatgatcaagtgaacaactatttgaaaattccagga  
ttcactgacaatgttttaactcatctccttctggccttggggcaggggttttctgctgtctgtatcg  
ctccccgggtgatgtcaagtcgagaatgatgggagattctagttacaaaagcacccttgattgtt  
ttgtcaaaccttgaagaatgagacccttggcggtttataaagggttctcccaattttggacgg  
ctgggatcttggacgtgatcatgttctaaccttagaacaactaaaagttcgtcaaagtttatc  
atcatcatgactcaatcataattacataaagtgtttctacgagggacctattgcaagtgcaaatgc  
agttgaaattgtagaaaataaagacccttatacttcaatttactaactaggatttagtcaaacattt  
ttcaaaagagaaaaatgaaagttaacaaaatgaatttgtttcatagatactagcttcttataatttc  
aatctattttgtaggattgcatgttccatgtaataattctcttcaaattttacaatgaacatgcttc  
catgacatgacaggagattcttttcaaatttggtaggttcagacctcaaaa

>Cicer arietinum UCPla (proteína deduzida)

MVAADSNSKSDISFAGIFASSAFSACFAEICTIPLD TAKVRLQLQKQAVAGDVVSLPKYKMLGTVST  
IAREEGLSALWKGIVPGLHRQCLYGGLRIGLYEPVKTLTYTGS DHVGDVPLSKKILAAFTTGAVAITVA  
NPTDLVKVRLQAEGLKPPGVPRRYSGLNAYSSIVRQEGV GALWTGLGPNIARNGI INAAELASYDQV  
KQTILKIPGF TDNVLTHLLSGLGAGFFAVCIGSPVDVVKSRMMGDSSYKSTLDC FVKTLKNDGPLAFY  
KGFLPNFGRLG SWNVIMFLTLEQTKKFVKSLSS

>Cicer arietinum UCPlb (cDNA deduzido)

ctatttcaaaaatgaaccgattgagaaaatttcacatatgctatcactgacataaaaaaagaattaaa  
aaaaaaaaaaaaaacaactttcagtttctttcccttcacaattgttcaaaaaaacaactatggtgcagg  
tggaactcaaattccgatatctcttttggctggcactttcgccagtagtgcttctctgcatgtttcg  
ctgagatgactattcccctggacactgccaagttaggcttcagcttcaaaagcaagctgtagcc  
ggtagtgtagcttacctaaatacaagggatgctcggaacgggtggaaccattgccagggagaag  
tctttcatcactctggaagggaaattgtgccaggggttacaccgtcaatgttggtaggtggttaagaa  
tcgggttatacagacctgtaagaatttatatgtgggagtgaccatgtggagatgctccattgtcg  
aaaaaattcttgcagcattaacaactgctgtggcaattgcagtgccgaatcctactgatcttgc  
caaagttagacttcaagctgaaggtaaattgcccgtggcggtgccagggcttactggatcattga

atgcttattcaacaattgtgaaacagggaaggaattggagctctttggaccggcattggccccaatggt  
 gaagaaatgctatcattaacgctgtgaactagccagctatgatcaagtgaacaagaccattttgaa  
 aattccaggattcactgataacgttgtcacgcacctctcttctgggtcttggggcaggattttttgca  
 tctgtattggctccccgggtgacgtgggttaaatcgagaatgatgggagaccctagttacaaaaacaca  
 cttgattgtttcgtcaaaacattaaaaaatgaggacccttagccttttataagggtttcataccaaa  
 ttttggacggcctaggatcttggaatgtgatcatgtttttaactctagaacaactaaaaagttcgtca  
 aaagtttggaatcagcatttaagcaagtaaccaataaaatttatgagcacggtgacaactggtg  
 ggtcaacagaaatcatcaagaaaatttaacttctatttgttttctctattggaatgtgtgaacaattt  
 tttggcgtagaaaaataagtattaatgaataaaaataaacttattgatagatgctagatttaaagctt  
 caaatcactgttttattttttgtattaattatcttacaagtttatcaagagctgggctttgacagatg  
 ggaataggaggaatttgaattgtagattgctttttgcgctcttatttttttctaataca

>Cicer arietinum UCPlb (proteína deduzida)

MVAGGNSNSDISFAGTFASSAFSACFAEICTIPLDTAKVRLQLQKQAVAGDVSLPKYKMLGTVGTIA  
 REEGLSSSLWKGIVPGLHRQCLYGGLRIGLYEPVKNLVYVGS DHVGDAPLSKKILAALTTGAVAIIVANP  
 TDLVKVRLQAEGKLPAGVPRRYTGSLNAYSTIVKQEGIGALWTGIGPNVARNAI INAAELASYDQVKQ  
 TILKIPGFTDNVTHLLSGLGAGFFAVCIGSPVDVVKSRMMGDPSYKNTLDCFVKTCLKNDGPLAFYKG  
 FIPNFGRLGSWNVIMFLTLEQTKKFVKSLESA

>Cicer arietinum ucp2 (cDNA deduzido)

gttgctttcatttcatttcatttcacactttcaccatcacaattcacaatcctcaacaacaacaaca  
 atgtcaatctcagatcccaaccatctttcttctactcaatccttctctgcagcgccttcgccgcttg  
 tttcgccgagtgttgtactattcctcttgacacagctaaagtgagacttcaactacaaaagaaaggag  
 gaagtgttggaaatgatgatgctggaaatggaatggaatgcttcgcctaaatacaaaggttactt  
 ggaacgggtaaaactattgctcgtgaagaaggggtttttgctttatggaaaggcattgttctctggttt  
 gcatcgtcagtgtttatatgggtggtttaaagaattgccttatatgatctgttaaaaattttcttggttg  
 gtactgcatttgttgggtgaagttcctttgtttcatatgatacttgctgctcttctcactgggtgctttg  
 gcaatcactattgctaactcactgacctagttaaagttaggcttcaagctgaaggccaattgccatc  
 tggggtaccaaagcgttattctgggtgcgatggatgcatattcaacatattgagacaaggggttag  
 gggccttgtggactggacttgggcctaataatagcacggaatgcaattataaatgctgctgaactggct  
 agttatgatcaagtgaacaagcattttgaaaattccaggattcacagacaatgcctttactcacct  
 cctagctggctcaggagcaggtcttttcgctgtctttatggctctcctgttgatgtgggtgaaatcca  
 ggatgatgggggactcaagctacaaaaacacatttgactgctttcttaagactttgttcaatgaggga  
 ttttttgcttctacaaaaggcttcttcttaattttggtagagtaggagcctggaatgtggttatggt  
 tcttacccttgaacaagccaagaatgttttagaggaataactgttactctacatgatgattagat  
 tcagcaggcagaaatgtgtttcttcttagaatgagtgctagctagctaccgcacactcttagatttgc  
 tgagggagaacggtttcaacatttgtttcctacttctgacacgcagactgaagtcgcgctcatagtc  
 atatattcttcataactgaaaaaccgtcagattacatttatgtatttgtttcctaagagcatttgggt  
 tagtggatgtcaccattcgtatattcttagccaatgattattctgtcaaactacattcactttatagg  
 tgtacactgtattgtattatcagatactatcatttttctgggaaatgcattactaatttcccaattta  
 ttgaacagacggccgaaatgaagcatgtataaacactaattaagagtttgtaatttacttctctatct  
 aaa

>Cicer arietinum ucp2 (proteína deduzida)

MSISDPNHLSTQSFCLCSAFAACFAEFCTIPLDTAKVRLQLQKKGSSVGIDDAGNGIGIASPKYKGLL  
 GTVKTIAREEGVFALWKGIVPGLHRQCLYGGLRIALYDPVKIFLVGTAFVGEVPLFHMILAALLTGAL  
 AITIANPTDLVKVRLQAEGQLPSGVPKRYSGAMDAYSTILRQEGLGALWTGLGPNRIARNAI INAAELA  
 SYDQVKQTILKIPGFTDNAFTHLLAGSGAGLFAVFIGSPVDVVKSRMMGDSSYKNTFDCFCLKTLFNEG  
 FFAFYKGFLLPNFGRVGAWNVVMFLTLEQAKNVFRG



>Cicer arietinum UCP3 (cDNA deduzido)

```

caatgggtcttcttctccacgatgtcacaacagaaagaatacgcataaattgaattcaacggctcaaa
tgtctgaggattcatcaagagtggtgaaaataaaactgatcatgcatagcataaactgtcagcagttca
cgggttccttgagttgattggttgcttacaatagcactgtgcggtatatgaactttttggtgagttgg
gtctttcttgcagtgatccatgaaatcaggccatcaacaaggtggagtcgacactactcacactaaga
tttaataacatcattgtcggcaatggtggccgagtcacaactttcccatagacctgatcaagact
aggctccaactccatggtgagtcatttccctcaagtcggtcaactggtgcatttccgaataggttaga
cattattcgcaacaaagtccctcttgggctttataaaggcttgtctccagcaatttttagacacctat
ttacacacctattcgaattggtgggtatgagcacatgaggagtggtgctctgccgacaatgggtcg
ctctctataattggcaaggcttttgttggtggaatctctggttagtatggctcaggttatagcaagccc
ggctgatcttatcaaggtgaggatgcaagctgatagtcfaatgatgagccagggtcttcaacctcggt
attcggggccatttgatgctttgaacaaaattggtcaagctgaaggatttcaaggactgtggaaaggt
gtttttccaaatatccaaagagccttcttagtgaacatgggggaattagctgtttatgatcatgctaa
gcaatttgttattaaaagtaggatagccgaggataatgtttatgctcacacattagcttccatcatgt
caggtcttgccgcaacttctttaagttgtccagccgacgttgtcaagactagaatgatgaatcaggca
gcaaaaaggaaggggaatgtcttatatagtagctcctatgattgcttggttaagacagttaaagttga
aggattaagagcactctggaaaggtttcttcccacatgggcaaggcttggtccatggcaattttgtgt
tctgggtttcctatgaaaagtttagaaattttgctgggctctcttctttctaagataaatattttgatt
tatgctgttgaacattcattcaagataaaattcacaattcacagctttaagactgagtgtagcacacca
aatttctttatggtggtttgtaccattattttgaaaccatttatgtgctgta

```

>Cicer arietinum UCP3 (proteína deduzida)

```

MKSGHQGGVDTHTKILITSLSAMVAESTTFPIDLIKTRLQLHGESISSRSTGAFRIGLDIIRKQS
PLGLYKGLSPAIFRHLFYTPIRIVGYEHMRSVASADNGSLSIIGKAFVGGISGSMAQVIASPADLIKV
RMQADSQMMSQGLQPRYSGPFDALNKIVQAEQGLWKGVPNIQRAFLVNMGELAVYDHAKQFVIKS
RIAEDNVYAHTLASIMSGLAATSLSCPADVVKTRMMNQAAKKEGNVLYSSSYDCLVKTVKVEGLRALW
KGFPTWARLGPWQFVFWVSYEKFRNFAGLSSF

```

>Cicer arietinum UCP4 (cDNA deduzido)

```

ttgaagcagtaacctagatacttccaaagaacaaaccaactataaaacccccctcaacctttcttctt
ttctccacacaaaaactacagcatatgtctcaaaggccttccgcttctcactcttcttctatagcttg
tggtctccattctcatctcctggtctccagtgagatgaactcactccaattggctcctattctaat
gccactagttattattagatctacaattattcattctttttctcctaaatttttttctattctttca
aacctttttctcaaaaaaaccaagcatcatggggtgtcaaagggtttgttgaaggaggcattgcttcc
attatcgaggttgttccaccaccaccacttgatttaataaggttcgatgcagctccaaggcgaaaa
cgctcccaaaccgaaccggttcataaacctccgaccggtcacttgctttccaaaccggaacaactcca
tccagctggggcctactccgctcccacaacctcgtgtgggtcccatctcagttggtgtacgtctcgtc
caacaagaaggcgtccgagctctcttctccggcgtctccgccaccgctgctccggcagactctctactc
caccaccaggatgggcctttacgacatccttaagactaaatggtcagatcaagctagcggtaacatgc
cgctggctcgcaaaatcgaggccgactcattgcccggcggagtcggagccgagattggaaccctgcc
gatgtagccatggttcgaatgcaagccgatggaagacttccatcggctcagcgtcggaactacaaatc
tgtcgtggacgccattacaagaatggcgaaacaggagggcgtgacaagtctctggcgcgggttcatctt
taacagtgaaccgcgctatggttagtcacggcctcccaattagcctcctacgatcaattcaaggagatg
attctcgagaaggagtgatgctgtaggacttgggaccacgtgacagcaggttttgccggcgggatt
tgtggcggcgggtggcaagtaaccagtggtgattataaaacgagggtgatgaatatgaagggtggagg
caggtaaggaagcaccttatgctggtgcttggattgtgctttgaaaacgggttcgtgctgaaggctct
atggctctttacaaagggtttatacctacaatttcgagggcagggtcctttcactggtgttctttttgt
tactcttgagcaggttcgcaagttgttcaaagatttctgagtaagtagatcgatgatgatgacgaaga
tttttagtttaagtttcgattccaataaactctgtttgaaattattttccttagtggtctgtgtgttatg
aatggtaattttgttataatggtattttgattaatgaaagtggtcattcaacaacaatttaaggaata
tttttaaattgagaa

```

>Cicer arietinum UCP4 (proteína deduzida)  
 MGVKGFVEGGIASIIAGCSTHPLDLIKVRMQLQGENAPKPNPVHNLRLPALAFQTGTTSIHVGPTPLPQ  
 PRVGPISVGVRLVQQEGVRALFSGVSATVLRQTLYSTTRMGLYDILKTKWSDQASGNMPLARKIEAGL  
 IAGGVGAAIGNPADVAMVRMQADGRLPSAQRNYKSVVDAITRMAKQEGVTSLWRGSSLTVNRAMLVT  
 ASQLASYDQFKEMILEKGVMRDGLGTHVTASFAAGFVAAVASNPVDVIKTRVMNMKVEAGKEAPYAGA  
 LDCALKTVRAEGPMALYKGF IPTISRQGPFTVVVLFVTLEQVRKLFKDF

>Cicer arietinum UCP5a (cDNA deduzido)

aaatacatcccctagttcccttgcgtccaccaagaattagaaagcgcggttgcgttttcttctcttct  
 tcacaacacacacagcggcttcacatcagttacattaaccaaatagttaattatcctaactcttgcaaca  
 ttaactacaaagatacgggtgtaagggttttctagaagggtggcattgcttccattggtgcaggaagcac  
 aactcaccactcgacctcatcaaagttcgcgatgcaacttcaaggcgagaccctccactttcacaca  
 atcttcgctcccgcttttgccttttcaactctcacacccctcaataacttccaactacacccccctccgctc  
 tcaggacctatctccctcggcctccgattgttcaatccgaaggcgtctccgctcttttctccggcgt  
 ctccgccaccgctcctccgtaaaactctctattccaccaccgcatgggtctctacgacctcctcaaac  
 aaaactggaccgatcccgatgtaggaacaatgcctgtgtcaaaaaagataacggcgggttaaatcgcc  
 ggcgggattggcgccgcgtaggaaacctgctgacgtggcgatgggttcgatgcaagccgatgggtcg  
 acttccgggtgactgaacgacggaattacaaaagcgtattcgacgcgattaagagaatgctgaatcagg  
 aagggttgggtctctgtggcgcggttcagcgcttacgggtgaaccgcgcatgattgtaacggcttct  
 cagttggcttcgatgatcaatttaagagacgattgtggagaaagggtggatgaaggatggatttg  
 gaccacgtgtcagcgagtttgcggcggtttcgtggcgagcgttgcttcgaaccctattgatgtga  
 taaagactagggttatgagatgaagggtggaatctgggtggtagactccacctataatgggtgcactt  
 gatgtgcgattaagactgttcgtgctgaaggacctatggctctttacaagggttttattcctacaat  
 ttcaaggcagggtccttttactgttgttcttttgcacgcttgaacaagttagaaagctgctcaagg  
 attttgaattttttatacactattcattatttttctcagatcatcgatgcaccacttctgttact  
 tattaacttagattttttcattctattttatctagggattactatttttacgagattttcatgttgc  
 tcataatattttacattgggtatagatttttacttattttatactatttctcaaaccttttcgaaggc  
 caa

>Cicer arietinum UCP5a (proteína deduzida)

MGVKGFLEGGIASIVAGSTHPLDLIKVRMQLQGETLPLSHNLRPAFAFHSSHPSILPTTPPSVSGPI  
 SLGLRIVQSEGVSAFSGVSATVLRQTLYSTTRMGLYDLLKQNWTDPDVGTMPVSKKITAGLIAGGIG  
 AAVGNPADVAMVRMQADGRLPVTERRNYKSVFDAIKRMSNQEGIGSLWRGSALTVNRAMIVTASQLAS  
 YDQFKETIVEKGMKDGFGTHVSASFAAGFVAAVASNPIDVIKTRVMSMKVESGGETPPYNGALDCAI  
 KTVRAEGPMALYKGF IPTISRQGPFTVVVLFVTLEQVRKLLKDF

>Cicer arietinum UCP5b (cDNA deduzido)

tccttcacaatcattcttttcttcaaaagatactttgctataaaattccatccccttactacaagc  
 aactccccaacacaaacctctgtgtgtgtttctcattttcgtatctgaacaccggttgcttctttctgt  
 cacatgtctcataagcccaactttactcaatcttgtttcatagcattttgtcctcattcccaacccaaa  
 actccaattagtcatttccctatcatctcccaataatttgattccggtcattccggtacattcccctca  
 gggctcaatcacaatcacaacacaaaataaataaaaaaccttatttttactttcgaaatatcc  
 ccgatatagctgttgacaaaatcaacccaaccaatctctttaatttcttttgatttttcaaagtta  
 caaactttttcacaacaaaagagtaacgggtgtcaagggtttcgttgaaggaggcatagcttccatcat  
 tgcagggtgttcaacacaccctcttgatctcatcaagggtcgaatgcagcttcaaggagaaattcaaa  
 cacccaatatccgaccgcaatggcaatccaaccgggttcggttccactcgttgcgcgcccgcacgt  
 gttggtccaatttccggttggtgttaaattagttcaacaagaagggtgtagccgctcttttctccggcgt  
 ctccgccaccgctcctccggcagggttctctactccacaaccggtatgggactctacgacatgctcaaga  
 aaaaatggaccgatccaaacgcccggcggtaccatgcccgttaacaagcaaaatcgcagcagggtgatc  
 gccgggtgggatcggggcagcgggtcgggaatccagccgacgtggcgatgggtcaggatgcaggccgacgg  
 aagacttccgccaactcaagacgaaattataaatccgctcgtcgatgccatcacgagaatggcaaaaag  
 atgagggttactagttctatggcgcggttcatcgcttactgtgaaccgcgcatgtagttacggcg

tcgcagctggcatcctacgacgagtttaaggaacaattttggaaaaaggttggatgcgggatgggct  
 tgggactcacgtgacagcgagtttgcagcgggtttgtggcagcagttgtgacgaatccgggtggatg  
 tgattaaaacgaggggtgatgaatatgaaggtggaggttggatcgccgcccgctactccgggtgctgt  
 gattgtgttttgaagactgttcgtgggtgagggctcctatggctctttataagggttttattcctacgat  
 tacgagacagggaccttttacggttgttctgtttgttacggttggaacaggttcgtaagttgcttaagg  
 atttc<sup>taa</sup>gttcgatgatgaacaacgttaataatgttctttagacggattttatttttattaattttt  
 ttagtttttagttttattttaaattaagattttggatgtgttgcctcagatcagctattccaattaat  
 ggcaatagattgttatcgactgaattaggaactagttatgggtgcttggaaatttggagatgaaattaa  
 tattattttttcattttaattttgagtttatcaagttggagaatgttattattatcacgagcttcata  
 atttgtttctgta

>*Cicer arietinum* UCP5b (proteína deduzida)

MGVKGFVEGGIASIIAGCSTHPLDLIKVRMQLQGEIQTPNIRPAMAIQPGSVHSLPPPPRVGPISVGV  
 KLVQQEGVAALFSGVSATVLRQVLYSTTRMGLYDMLKKKWTDPNAGGTMPLTSKIAAGLIAGGIGAAV  
 GNPADVAMVRMQADGRLPPTQRRNYKSVVDAITRMAKDEGVTSLWRGSSLTVNRAMLVASQLASYDE  
 FKETILEKGMWRDGLGTHVTASFAAGFVAAVVTNPVDVIKTRVMNMKVEVGSPPPYSGAVDCVLKTVR  
 GEGPMALYKGFIPITRQGPFTVVLFVLTLEQVRKLLKDF

>*Lupinus angustifolius* UCPl (cDNA deduzido)

acc<sup>atg</sup>gttgcagattccaactccaatccgatatctccttcgctggtctctttgccagcagtgcttt  
 ttctgcatgttctgctga<sup>gg</sup>tgactactattcctttggacactgccaagttaggcttcagcttcaga  
 aaaaagctgtagctggcagatgcaactttacctaataataagggataggtggggacgggttgaaccatt  
 gcaaggaagaaggtatctcagcactttggagagcatagtgccagggcttcacgtcaatgtttgta  
 tgggggtttaagaattgggttatatgatcc<sup>ag</sup>ttaagagtttatatgtgggaaagaccatgttggag  
 atgtttcattgtcaaagaaaattcttgctgcatttacaacc<sup>gg</sup>tgctgtggcaattactatagcaaat  
 ccaactgatcttgtcaaagttagacttccaactgaaggggaagttacctcctgggtgttccgagggccta  
 ttctggatctttaaatgcttattcaacaattgtgagaca<sup>ga</sup>aaggagttggggctctttggactgggc  
 ttggccccaatatagcaagaaatgggatcatcaacgctgctgaactagctagttatgatcaagtgaaa  
 ca<sup>ga</sup>ctattttgaaaattccaggcttcaccgacaacgttgtaactcatctcctgtctgggtctgggggc  
 agggttttttgctgtctgtattggctcccaatcgatgt<sup>gg</sup>ttaaatcaagaatgatgggagattcta  
 gttacaaaagcaccctcgactgtttttgtcaaacattaaagaatga<sup>cg</sup>gacctgctgcctttttataag  
 ggattcctcccaattttggaaggctgggatcttggaacgtgatcatgttttaactctagaaca<sup>ga</sup>c  
 taagaaatttgtaagaggttagagtcac<sup>tg</sup>agcaaaaccagttccgtggaagattttctatggga  
 aataattatccaaacgcacatgcagtc<sup>aa</sup>atgtagaagataaaggtctctttttgttcatttgctaa  
 ttgggatttagtcaaacatttttacagggggaaaaggtgaaagtaaaat

>*Lupinus angustifolius* UCPla (proteína deduzida)

MVADSNSKSDISFAGLFASSAFSACFAEVTTIPLDTAKVRLQLQKKAVAGDATLPKYKGMVGTVAITIA  
 REEGISALWRGIVPGLHRQCLYGLRLIGLYDPVKSPLYGKDHVGDVLSKILAAFTTGAVAITIANP  
 TDLVKVRLQTEGKLPPGVPRRYSGSLNAYSTIVRQEGVGALWTGLGPNIARNGIINAAELASYDQVKQ  
 TILKIPGFDTNVVTHLLSGLGAGFFAVCIGSPIDVVKSRMMGDSSYKSTLDCFVKTLKNDGPAAFYKQ  
 FLPNFGRLGSWNVIMFLTLEQTKKFVKGLESS

>*Lupinus angustifolius* UCPlb (cDNA deduzido)

ctctctttttactctcttattacctcttaacattttgaaacc<sup>atg</sup>gtgggtggtggaaactccaattc  
 agatatctcttttgctggcacttttgcagccagtgctttttctgcatgttttgccga<sup>ga</sup>attgtacaa  
 ttcttttggacactgccaagtcaggcttcagcttcaaaagcaagccgtagggcagacacagtcatacct  
 aatataaggggatgctgggaacagttggaaccattgccagggagaagccctttctgactttggaa  
 ggggatgtgcccagggtacaccgtcaatgtgtgtatggaggcttaagaattgggttatatgagcc<sup>tg</sup>

ttaagaatttgtatgtgggtagtgaccatggtggagatgttccattgtcgaagaaggttcttgctgca  
 ctgacaactggtgccgtgggaatcgcggtggcaaatccaaccgatcttgtgaaagtagactccaagc  
 agaaggaaaattacctgctggtgtgccaggcgttattctggatcgttgaatgcttattcaaccatca  
 ttagacaaggaaggagtttctgctctttggactgggattggcccaatatagcaagaaatgctatcatc  
 aatgctgctgaactagccagctatgatcaagtgaacaactatatttgaaaattccagggttaccgga  
 taatgttgtaactcatcttcttctggtctaggggcagggttttctgcagtttgattggttccccag  
 ttgatgtggaagtcaagaatgatgggggatcctagttacaaaagtaccctcgattgtttcgtcaaa  
 acattgaaaaatgaggaattttagccttttataaggggttcttacccaatttcgggcccgttaggatc  
 ttggaatgtgattatgtttttaaactctagaacagactaagaagtttgtaaagggttagaatcagctt  
 gaggttgaaccaactagttcctgcaactgcaaatgcaatgagaattgtaagaatgctaactggaatg  
 tagcaaacattttgttgttttaataataatgatgtattagatataatgagaaaaacataacatttat  
 cctagcttttttatgacattatttgactatgtagccgacctcgc

>Lupinus angustifolius UCP1b (proteína deduzida)

MVGGGNSNSDISFAGTFAASAFSACFAEICTIPLDTAKVRLQLQKQAVGDTVIPKYKGLTGVGTIAR  
 EEGLSALWKGIVPGLHRQCVYGGRLRIGLYEPVKNLYVGSVDHVDVPLSKKVLAAALTTGAVGIIVANPT  
 DLVKVRLQAEGLKLPAGVPRRYSGLNAYSTIIRQEGVSALWTGIGPNIARNAI INAAELASYDQVKQT  
 ILKIPGFTDNVTHLLSGLGAGFFAVCIGSPVDVVKSRMMGDPSYKSTLDCFVKTLKNDGILAFYKGF  
 LPNFGRLGSWNVIMFLTLEQTKKFVKGLESA

>Lupinus angustifolius UCP2 (cDNA deduzido)

caataatgtcagatccgaatcccaggcccgatattacggtcgcceaagcttcttctgtgcagcgttct  
 gctgcttgtgtcgccgactttgtactatccctctggacacagctaagggtcaggctcagctccagaa  
 gaaggttgcagcagaagatggagcggcttcacctaatacaagggttgcctgggaacgattaagacca  
 tcgctagagaagagggtatatacagctctgtggactggcattggttctggtttgcatcgccaatgcgta  
 tatgggggcttaagaattgggttatatgatcctgtcaaacatttcttgttgggaagtgcatttgttgg  
 agaggttcctataaccatatgatacttgcctctggtgacagggtgcttggcaatcacaattgcta  
 acccaactgacttagtcaaagttaggcttcaagctgaaggccaattgccacctggggtagcctaagcgt  
 tattctggtgcaatggatgcttattccactatcgcgagacaaggagattaggagccttgtggactgg  
 gcttggggccaatgtagcacggaatgcaattataaatgctgctgaactagctagttatgatcaagtga  
 aacaagcagattttgaaaattccagggttcatggacaatggcttactcaccttctagctggcttaggc  
 gcaggctttttgctgtctttattgggttctcgggttgatgtgtaaaatctaggatgatgggggattc  
 atctacaaaagcagccttgactgctttttcaaaacttcatttaataaggatttctggcattctata  
 aaggttctcttcttaattttggacgagtaggagcctggaatgtgattatgtttcttacccttgaaca  
 gccaagagagttcttagaggaataatgtcactcttcaagattatgagatttaccatgcagaaatactc  
 tgttgcttcttggatgagtgctatgaaatggatcatcaaatttatttattccaaattaaagggtgtcctc  
 tccacatttatttccacttctgcaatgtggatggatgctatgcttcacatattattaatcattgaa  
 aactgtcaaatcaatttttttttggtttctacttt

>Lupinus angustifolius UCP2 (proteína deduzida)

MSDPNRPDITFAQAF LCSAFAACVAEFCIPLDTAKVRLQLQKKVAAEDGAASPKYKGLLGTIKTIA  
 REEGISALWTGIVPGLHRQCVYGGRLRIGLYDPVKTFVLVGSFVGEVPIYHMILAALVTGALAITIANP  
 TDLVKVRQLAEGQLPPGVPKRYS GAMDAYSTIARQEGLGALWTGLGPNVARNAI INAAELASYDQVKQ  
 TILKIPGFMDNGFTHLLAGLGAGLFAVFIGSPVDVVKSRMMGDSSYKSTLDCFFKTSFNEGFLAFYKG  
 FLPNFGRVGAWNVIMFLTLEQAKRVLRG

>Lupinus angustifolius UCP3 (cDNA deduzido)

cgaagttcttctgtgctcccttctttttgaaaacatcataaaattcatcagagtgaaaaacagcttgt  
 ctcaaattcaatgtatatgtaatttatacactgagcacgagttgaaatattgtgattatcaatttctcc

aaattggccgagccactagccatgaaatcaggctatcaacatggtggagttgataatgctcacacaaa  
 ggtcttactgacatcaatgtcagcaatggtggctgagaccacgacgttcccagtagatctcatcaaga  
 ccaggctccaactgcatggtgagtcgctttcctcaaccgggtccacgagtgcatcttcgaatagcttta  
 gacattatcccgcaacaaggctcctcttggcctttacaagggttgtctccagcaattattagacacct  
 attctacacacctattcgaattgtcgggtatgagcatctgaggactgtgggtttcttctgataatggat  
 caatctcaatcatcagcaaggccgttgttgggtggaacctctgggtgcatagctcagattatagcaagc  
 ccagctgatcttgtcaaggaaggatgcaagctgatggccgtctgatgagccaaggcttcaacctcg  
 atattcagggccatttgatgctttcagcaagattggtcaagctgaaggctttcagaggactgtggaagg  
 gtgtttttcctaataatccaaagagccttcttagtgaacatgggagaattagcctgttatgatcatgct  
 aaacaaattgttattaaaagtaggatagctgaggacaatgtttatgcacacacattagcttccactat  
 gtcaggctcttgccgcaacttcgtaagttgtccagctgatgtcgtgaagactagaatgatgaatcagt  
 ctgctaaaaatgaagggaaagtattatatagcagctcttttgattgcttggtaaagacggctaaagtt  
 gaggaataagagcatttgtggaagggttcttccccacatgggcaaggcttggcccatggcagtttgt  
 gttctgggtttcctatgagaagttcagaaaaattgcagggtctcttctttctaaataatattttca  
 ttttttgatttatattagcagactttcattcatcactgattcaaaagtcacagcccctagagtcacaa  
 cacctttatctttt

>Lupinus angustifolius UCP3 (proteína deduzida)

MKSGYQHGGVDNAHTKVLTLTSMAMVAETTTFPVDLIKTRLQLHGESLSSTRSTSAFRIALDIIREQG  
 PLGLYKGLSPAIRHLFYTPIRIVGYEHLRTVSSDNGSISIIISKAVVGGTSGCIAQIIASPADLVKV  
 RMQADGRLMSQGLQPRYSQPFDAFSKIVQAEGRGLWKGVFPNIQRAFLVNMGELACYDHAKQIVIKS  
 RIAEDNVYAHTLASTMSGLAATSLSCPADVVKTRMMNQSAKNEGKVLVSSSFDCLVKTAKVEGIRALW  
 KGFFPTWARLGPWQFVFWVSYEKFRKIAGLSSF

>Lupinus angustifolius UCP4a (cDNA deduzido)

tagcatatgtctcagaggggttactgttccccactcatctgccatagattgtggccttcattcccatct  
 catggctctctagtgagatgagctctaattccaactcgtcttctctcattaacccttattactcctct  
 tcctttaaaccctcaccattttttgatcttctcggtttttatctcaattcaattaattcttttaaagc  
 tataaacttttttgcataatcaatcatgggtatcaaaggttttgttgaaggaggcattgcttccatca  
 ttgctggatgttccaccaccctcttgacctcatcaaggttcgtagcagctccagggagaatccaac  
 ccagcccctgttcgtaacattcgatcggaaacttgcaattcataatggttcttccatccacgtggcaca  
 agctccgcagatcaaaccctgtggtgggtccatttctgttggcattcgcttagtccagcaagaagggtg  
 tcgcccgcgtattttccggcatatccgccaccgtcctccgccagacgctctactccaccacacgtagt  
 ggtctgtacgatatcctcaagcagaagtggtccatcgggtgggaacatgccgctatcacgcaagattga  
 ggaggctggtctgattgccggcgctgtcgggtgccgcggttggaaaccggctgatgttgccatgggtcc  
 ggatgcaggccgatggccgctcccgccagctcagcgtcgaactataagtctgtggtggatgcaata  
 tcaccatgggtgaagcaagaggagtcaccagcctatggcgcggttcgctcgttaccgtgaaccgcgc  
 aatgctggtgactgcctcgcaattggcatcttatgaccagtttaaggagatgatattggagaagggag  
 tgatgcgtgatgggttaggtactcacgtgactgcgagcttcgcccaggggttcggtggcgtctgtggcg  
 tcgaaccgggtggatgtgatcaagactagggttatgaacatgagagttgagcctggggcagagcctcc  
 ttattctggtgctttggactgtgctttgaagacagtgcgagctgaaggtcctatggccctttacaagg  
 gctttattcctacgatttcgaggcagggaccctttactgttgtgttgggtgacgttggaaacaggtt  
 cgcaagttgttcaaggattactaaagatggatgatgacgaagatctttgattttttcaattaaaattcc  
 tagctttcatattttttatttatta

>Lupinus angustifolius UCP4a (proteína deduzida)

MGIKGFVEGGIASIIAGCSTHPLDLIKVRMQLQGESNPAPVRNIRSELAFHNGSSIHVAQAPQIKPRV  
 GPISVGIRLVQQEGVAALFSGISATVLRQTLYSTTRMGLYDILKQKWSIGNMPLSRKIEEAGLIAGA  
 VGAAVGNPADVAMVRMADGRLPPAQRNYKSVVDAISTMVKQEGVTSLWRGSSSLTVNRAMLVTASQL

ASYDQFKEMILEKGVMRDGLGTHVTASFAAGFVASVASNPVDVIKTRVMNMRVEPGAEPYSGALDCA  
LKTVRAEGPMALYKGFIPITISRQGPFTVVLVFTLEQVRKLFKDY

>Lupinus angustifolius UCP4b (cDNA deduzido)

cttctttcttcccacaccaaataactcttctcattcattgctttcggctactagcctatgtctcaga  
gggctactgttccccactcttcttccatagcttgtggccttcattcccatctcttgggtcaagtga  
atgaccttaattccaactggctcttctctatctttttcattaacctacattaactaacccttctt  
ctctaacaaccaaatttctattaccttcaattctattcattctttcaaagttataactttattgc  
aagatctattatgggtctcaaaggttttgctgaaggaggcatcgcttccatcattgctggatgttcca  
ctcaccctcttgaccttattaaggttcgatgacagcttcagggtgaaccaaccggaaccgggttcat  
aatcttcgaccggcacttgcatttcagaacgggtcttcgatccacgtgtcacctactccgcagacacc  
acagattaaacctcgtatgggtcccattgctgtgggtgttcgcctagttcaacaggaaggtgttgctg  
ccctattttccggcgtctccgccaccgtcctccgtcagacgctttactccaccaccgcatggggctc  
tatgatgttctgaagcagaagtgggtccaccggcgggaacatgccgctgtcgcgtaagattgaggcggg  
tctgatagcgggtgggtatcggcgccgccgtaggaaaccggctgatgtggctatgggtcggatgcagg  
cggatgggctctgccgccggcgcaacgtcggaaactataagtccgtcgtggatgccttatcaactatg  
gtgaagcgtgaaggcgtcaccagcttgtggcgcggttcatcgcttacgattaatcgcgcaatgctgg  
gacggcgtcacagttggcgtcttacgaccagtttaaggagatgatattggaaaaggggttgttgctg  
atgggcttgggacacatgttacagctagttttgcccgggggttcgtggcggcgggttgaccaaccg  
gtggatgtgatcaagactagggttatgaacatgaggggtggagcctggggcggagccaccgtattctgg  
tgctatggattgtgctttgaagactgtgctgctgaaggtcctatggcctttacaaggatttattc  
ctacgatttcgaggcaggacccttactgttgtgctgtttgtgactctggaacaagttcgcaagctg  
ttaaaggatttcctaaagatgatgacgaagatctttcattttccataaagaagatttcttgctttcgtat  
tttcttataatttatcgttatgaatgagaagcaaccttgtgttttgttatccattatctacttgaat  
aagagaagttcattccatttccgaaa

>Lupinus angustifolius UCP4b (proteína deduzida)

MGLKGF AEGGIASIIAGCSTHPLDLIKVRMQLQGEPNPNPVHNLRPALAFQNGSSIHVSPTPQTPQIK  
PRMGPIAVGVRLVQQEGVAALFSGVSATVLRQTLYSTTRMGLYDVLKQKWSTGGNMPLSRKIEAGLIA  
GGIGA AVGNPADVAMVRMQADGRLPPAQRNYKSVVDALSTMVKREGVTS LWRGSSLTINRAMLVTAS  
QLASYDQFKEMILEKGLLRDGLGTHVTASFAAGFVA AVVTNPDVVIKTRVMNMRVEPGAEPYSGAMD  
CALKTVRAEGPMALYKGFIPITISRQGPFTVVLVFTLEQVRKLLKDF

>Lupinus angustifolius UCP5 (cDNA deduzido)

cccacttctcaattcaattgattctttggaaaaataaacttttctccataaatcaaaatgggtatc  
aaaggttttgttgaaggagggttgccttctgttatagcaggatgttccactcaccacttgatcttat  
caaggttcgaatgcagcttcaaggagagactcaagttcataatcaagtttttaacaatgcatctccta  
ctcttctcaaccatctcgtgtgggaccattgctaccggcgttaaaactagtgcacagagaaggtgtt  
gtcgtcttttctccggcgcctcagccactgtccttcgtcaggcacttactccaccaccgcatggg  
gctctatgatataattcaagaagaagtggctctgatcctaattccgggtggcaacttaccggtgacacgga  
aaattgccgcagggttatagctggcgggattggagctgccgtcggtaatcctgctgacctagcgatg  
gtccgcatgcaagccgacggtagactcccgcagctcagaggcgttaattataagtctgttatagatgc  
cattcgtacaatggctaaagacgaggggtgtcatcagtttggcggcgggtcttcgcttactgtgaacc  
gcgccatgctggtgacagcctcacaactcgcatcatacgaccaattcaaggagatgattcttgagaag  
ggaataatgcgagatgggcttgggacccatgtaacagcaagtttggggcgggttctgtggcggcgg  
ggcatctaaccagtggtatgtgatcaagacaaggggtgatgaacatgaaggtggagccagggcggcgc  
caccatactccggtgcattggattgtgccttgaaaacaattcacgcggagggtcccatggctctatat  
aaaggttttattcctacaatttgcagggcaggaccattcacggttgtactatttgtgacattggagca



ca<sup>ga</sup>ctat<sup>ttt</sup>gaaaattccaggattcactgacaatg<sup>ttt</sup>taactcatcttctagctgg<sup>t</sup>ctagggg<sup>c</sup>  
 aggg<sup>t</sup>tttttgcag<sup>ttt</sup>gtgtggctcccctg<sup>tt</sup>gatgt<sup>gg</sup>ttaagtcaagaatgatgggagattcta  
 gttacaaaagcacccttgattg<sup>ttt</sup>catcaagacattaaaaaatga<sup>cg</sup>gac<sup>ttt</sup>tttctttttacaag  
 ggg<sup>t</sup>tcataccaaat<sup>ttt</sup>ggacggctaggatcatggaatgtgatcatg<sup>ttt</sup>taactttagagca<sup>ggc</sup>  
 taaaatgtacgtcaaaagattagaatcagct<sup>tga</sup>cctccaacag<sup>ttt</sup>gctgtagaatt<sup>ttt</sup>cttcagta  
 ga<sup>ttt</sup>ttat<sup>ttt</sup>caagagaataaaaacttctcttgact<sup>tt</sup>gtgaattagaatattccaaaacatttatt  
 ttgttggggaaaggaagtatcaagaaatgacag<sup>t</sup>acttatatcatatctatgtaattctcataaaaaa  
 tttcctag<sup>tt</sup>gggcatagtgatgcaatg<sup>tt</sup>atg<sup>ttt</sup>cttcaatatcaagagaagataggagcttaaca  
 aagg<sup>ttt</sup>gtcagtgca

>Vigna angularis UCP1b (proteína deduzida)

MVGGSSQSDISFAGTFASSAFAACFAEVCTIPLDTAKVRLQLQKQPVIGDVIALPKYRGLGTVATI  
 AREEGLSALWKGIVPGLQRQCVNGGLRIALYDPVKSFYVGPDPHVDVPLSKKILAGFTTGAMAIAVAN  
 PDLVKVRLQSEGKLPVPRRYTGSLNAYSTIVRQEGVGLWTGIGPNITRNGIINAAELASYDQVK  
 QTILKIPGF<sup>T</sup>DNVLTHLLAGLGAGFFAVCVGSPVDVVKSRMMGDSSYKSTLDCFIKTLKNDGPF<sup>S</sup>FK  
 GFIPNFGRLGSWNVIMFLTLEQAKMYVKRLESA

>Vigna angularis UCP2 (cDNA deduzido)

ttttaaccgtgaactgg<sup>ttt</sup>gaagtagagtctccttaagaagagtg<sup>gt</sup>tacgctacgactagtctcct  
 tcaacttcttaaactctcacacccaaacc<sup>ttt</sup>cttctttccagtgacgtgaaca<sup>atg</sup>tcagatccga  
 accagatttcg<sup>tt</sup>cgctgtatccttcttgtgcagc<sup>gct</sup>ttcgcagctg<sup>ttt</sup>tcgccga<sup>gt</sup>ttgtacc  
 attcctctggacacagctaagg<sup>t</sup>cagacttcaactacaaaagaaggcaggg<sup>t</sup>tgatgatggagtg<sup>gg</sup>  
 ttacctaataacaagggcatgctaagcacaattaagaccattgctagagaagaggg<sup>t</sup>atatcagctc  
 tgg<sup>gaa</sup>aggaattg<sup>tt</sup>cctg<sup>ttt</sup>gcatcgccaatg<sup>tt</sup>tatatggaggcttaagaatcggattat  
 gatcc<sup>tg</sup>caaaacatttctt<sup>gt</sup>ggtagtg<sup>cct</sup>ttg<sup>tt</sup>ggagaggtccaatataccatgatcct  
 ggctgctctgctcact<sup>gg</sup>tgcttagcaatcacgattgcta<sup>t</sup>ccaactgatc<sup>tt</sup>gttaaagttaggc  
 tcaatccgaaggtcatctg<sup>cc</sup>atctggggtac<sup>t</sup>taggc<sup>gt</sup>tattctggtg<sup>cc</sup>atagatgcttattta  
 actatattgagaca<sup>ag</sup>aaggaataggg<sup>c</sup>ctt<sup>gt</sup>ggactggg<sup>c</sup>ttgggccaacatagcaaggaatgc  
 aattataaatgctgctgaattagctagctatgataaagtgaaac<sup>gga</sup>cgatt<sup>tt</sup>gaaaattccaggg<sup>t</sup>  
 tcatggacaatgtctatactcaccttctt<sup>gt</sup>gctggc<sup>t</sup>tagggcaggtc<sup>ttt</sup>ttgctg<sup>t</sup>atttattg<sup>gt</sup>  
 tctcccgttgatgt<sup>gg</sup>tgaaatccaggatgatgggggattcaac<sup>t</sup>acaaaagcacatttgactg<sup>ct</sup>  
 tctcaagact<sup>tt</sup>gcttaatga<sup>gg</sup>gatt<sup>ttt</sup>ggccttctataaagg<sup>tt</sup>ccttccaaat<sup>ttt</sup>gg<sup>tc</sup>gag  
 taggagcctggaatgtgattatg<sup>tt</sup>tcttact<sup>ttt</sup>gaaca<sup>ag</sup>cgaaaagatt<sup>ttt</sup>tgagagga<sup>taa</sup>ttg  
 ttacttcatgattgatattgacgaaggaaaattagtg<sup>tt</sup>cttctcgg<sup>tt</sup>gagtgctatcagatgcac  
 ggcaa<sup>ttt</sup>tattacaagaaagtg<sup>gt</sup>ctt<sup>tt</sup>ccacattcattccc<sup>c</sup>atttcttctt<sup>gt</sup>ggacggacat  
 catgcttaaaatatttagtcaatgaataaac<sup>cg</sup>tcaaattac<sup>ct</sup>ctgtatagattgtctcatgctta  
 tgccatgtgaaggccacaattcaaag<sup>ttt</sup>caaacatt<sup>ct</sup>tagccaattaatagacctgaaattacatt  
 tactt<sup>gaa</sup>agacctacactgtactggattgatgcagatacatt<sup>ttt</sup>ttgggaaataaattgcctattt  
 cccgacttattgaatagacaaattaaatgaaacatgtatgcaaacta<sup>at</sup>atctagagg<sup>ttt</sup>tataatc  
 attactttattcaaatatcatggg<sup>gt</sup>

>Vigna angularis UCP2 (proteína deduzida)

MSDPNQISFAVSFLCSAFAACFAEFCTIPLDTAKVRLQLQKAGVDDGVGLPKYKGLSTIKTIAREE  
 GISALWKGIVPGLHRQCLYGGLRIGLYDPVKTFLVGSFAFVGEVPIYHMILAALLTGALAITIANPTDL  
 VKVRLQSEGHLPSPVPRRYSGAIDAYLTILRQEGIGALWTGLGPNIARNAIINAAELASYDKVKRTIL  
 KIPGFMDNVYTHLLAGLGAGLFAVF<sup>I</sup>GSPVDVVKSRMMGDSTYKSTFDCFLKTLN<sup>E</sup>GFLAFYKGF<sup>L</sup>P  
 NFGRVGAWNVIMFLTFEQAKRFLRG

>Vigna angularis UCP3 (cDNA deduzido)



gtttaagaagctaagaatctaatactatanttgtatggtagctataaatgtataagggtataaatac  
gtatagatgtagaagtagacatgtaggtgaattttcttcaattacctatgggtttctggtgctgat  
agaacagaaccgtgtcatcatcgactgtccgaatggctgaggaaaattagaatctaaccgtggatgc  
ctgatgaataggtagtttagatgtgtttgttctgtgtttgggtcattgatttaaaaccttacctga  
tcgattgttatttctagtagtatcctcttaaggatgaaaccacaagtctttattagaacacaaaagc  
tttctgtatctctcactgcactggatgaggatgcacaaactttctcggcaatgttcattttcttagtt  
catagatctgaattgataacaatttcacggctcatagtccttgctagtagtcccaattaactatggcca  
tcaacggaattttcagtagacttctcgggtggttgaagaacaattgcagtgaaaagatttcatc  
tttagtgacagtcactgggttcttgaacagccttggtggtagtgggtctttcttgatgtacccaa  
atgaaatcaggccatgagcatggtggagttgatactgctcaacaaagatcttactaacatcttctc  
agctatgggtggctgagaccagactttcccatagacttgatcaaaacaagactccaactgcattggc  
aatcactttcatcgagtcgtcccaccaggcatatcgagtaggtttgggcattgttcgtgaacaagg  
gttgttggcctttacagtggtctctccagcaattattagacacctgtctacacgcctattcgaat  
tgttgggtacgagcacctgagaagtggttctcgtgataatgggtcattctctattgttggcaagg  
ctgtagtcgggtggaacctctggtgtcatggctcagatttagccagcctgccgatcttgccaaggtg  
aggatgcaagctgatgggacaggggtgaaccaaggtcttcaacctcggatttcggggccatttgatgc  
tctgaacaaaattgttcgagctgaaggatttcgaggactgtggaaggggtgttttctaatatacaaa  
gagccttctagtgaaatgggagaacttgctgttatgacctgctaacaatttgtaattagaagt  
aggatagccgacgataatgtttatgcccacacattagcttccatcgtgtcaggtttagctgcaactc  
ttaagttgtccagctgatggtgtgaagactagaatgatgaatcaagcagccaaaaaggaagggaaat  
atataataatagctcttattgattgttggtaagacagtaaaagttgaaggaataagagcattgtgg  
aaaggatttttcccacttgggcaaggcttgcccattggcaatttgggtcttggttacctacgagaa  
gttagaaaatttgcaggtctcttcttcttctcctaaatgggttttgaattatagttgcatcattcat  
acataataaattcactagtcacagcctacagggtaactaacactcagatctccatcttccaacattta  
gcttgggtatataattttttgggataaattacaaaacttctgttttaagagaggactaaattatactacc  
tatgtgttatactgcttctattttgatctga

>*Vigna angularis* UCP3 (proteína deduzida)

MKSGHEHGGVDTAQTKILLTTSFSAMVAETTTFPIDLIKTRLQLHGESLSSSRPTRAYRVGLGIVREQQ  
VVGLYSLSPAII RHLFYTP IRI VGYEHLRSVVSADNGSFSIVGKAVVGGTSGVMAQII ASPADLVKV  
RMQADGHRVNLQGLQPRYSFPFDALNKIVRAEGFRGLWKGVFPNIQRAFLVNMGELACYDHAKQFVIRS  
RIADDNVYAHTLASIVSGLAATSLSCPADVVKTRMMNQAAKKEGKLYNSSYDCLVKTVKVEGIRALW  
KGFFPTWARLGPWFVFWVTYEKFRKFAGLSSF

>*Vigna angularis* UCP5a (cDNA deduzido)

gtctccctctttgactctattacgcgctcagataacccgactactatataatcatcttcaaacccttt  
cttcattccacacaaaatcaaaaacactttcatttcttcttcttcttccactttctctgctactttc  
gatcatacgcctcatatacactacataactactttctatccaactcagctgactgtaaaagggtttt  
ttgaaggtggcgttggcttccatcgttgaggttgcctccaccaccactcgacctcatcaaagttcgc  
atgcagcttcaagaaacgcacaacctccgccccgcgtttgcgtttcacgcgtccactccaatgccgc  
tccgctccttccggctctatatcagtcggcgtcgaatcgtccagtcggagggcgctcggcgctct  
ttccggcgtttccgcacaatgctccgctcagagcgtgactccaccacccgatgggtctctacgac  
gtgctcaagcgccattggaccgacccccagcagggcaccatgccctctcgcgaaagataacggcg  
nn  
cgaccgctggggaacctgccgacctggccatgggtgctgcagtgccg  
cggatgggcggtctccggcgtgagcggcgaactacaaggggtgtgtcgcagcgcgatacggcgcatg  
agcaaccaggaggggggtggcagcctgtggcgcggtcagcgcttacgggtgaaccgcgcatgatcgt  
gacggcttctcagttggcgtcgtacgaccttaaggaactatcctcggacacggggtggatggagg  
atgggcttgggaccacgtggcagcagcctttgcnnn  
cgggcgaatcct  
attgatgtataaagacaaggggtgatgaacatgaaggttgaggcttacaatggggccttcgattgtgc  
tctgaagactgttagggctgaaggaccttgcctttataagggttcatcctacaatctcaaggc  
agggtcctttgaccgctcgtgctctttgtcaccctcgaacaagt caggaagctgctcaaggagttttga

cttttgatattcacctcctattcaatactcattcattggttgagatgcatattcagatgatgacgaac  
catttgtaacctttgattctttttatttaagtattgattgta

>*Vigna angularis* UCP5a (proteína deduzida)

MTVKGFFEGGVASIVAGCSTHPLDLIKVRMQLQETHNLRPAFAFHASTPMPPPPSGPISVGVRIVQS  
EGVAALFSGVSATMLRQTLYSTTRMGLYDVLKRHWTDPEQGT MPLSRKITA **GLVAGGIG**AAVGNPADV  
AMVRMQADGRAPAAERRNYKGVFDAIRMSNQEGVGLWRGSALTVNRAMIVTASQLASYDQFKETIL  
GHGW MEDGLGTHVAASFA **AGFVASV**AANPIDVIKTRVMNMKVEAYNGAFDCALKTVRAEGPLALYKGF  
IPTISRQGPLTVVLFVTTLEQVRKLLKEF

**GLVAGGIG** e **AGFVASV** = foram inclusas

>*Vigna angularis* UCP5b (cDNA deduzido)

ttatTTTTTtcttcaagcttttcccggaaaattttcgacaaaatcaacccatccacctccccaatt  
tcagtattacaaagcagtaaactttttcatccaactcgaa **atg**ggcggtgaaaggttttgttgaaggag  
gcatcgcttccgtgatcgaggggtgttccaccaccctcttgatctcatcaaggtccgaatgcagctc  
caaggagagacagccttcaaccctagcttctgcatgcaccgccaccaaggtgggtccatttccgt  
cggcgctcaaattagtcacaagaaggtgtcaccgcgcttttctccggcgctctccgccactattctcc  
gccagcttctctattccaccaccgcgatgggactctacgacgtgctaaaaagaaatggctgatccc  
aactttgccagtggcaccatgcccctaacctacaagatcacggcaggggtaatcgccgggtggaatagg  
cgcagccgctcggaacccccgccgacgtggcaatgggtccgcgatgcaagccgacgggagactccctccat  
ctcaacgacgaaactataagtcgctcggtgatgccatcacgagaatgacaaaagacgaaggtgtcacc  
agtttatggcggtggctcatcacttacgggtgaaccgcgctatgatagtcacggcctcacaacttgctc  
ttacgaccagttcaaggagatgattttggaaaaggggtgtcatgctgatgggctcgggaccatgtaa  
cggcgagtttgcagcgggggttgggtgctgcgattatgtccaaccccgctcgatgtgatcaagactagg  
gtgatgaacatgaaggtggagcacggggcgccgcccgtactccgggtgacttgactgtgcttgaa  
gactatgctgctgaggggtcccatggctctatacaaaggttttgtcccacgatttcgagacagggac  
ccttcacgggttgctgctgttcgctcacggttagaacaagttcgcaacttgcttaaggatttc **taag**tacga  
ggatgatgatgaccaagaacaaaatgtttccataggtttcataattatagagtcactttgaaaaaaa  
aaatatggagttttgttttagttcttaaagttattttggtaggtactattgttttagtttaagatttt  
gtgttatgtagttaaaaagtgagatttaattgggtattgttaactggttcctt

>*Vigna angularis* UCP5b (proteína deduzida)

MGVKGFVEGGIASVIAGCSTHPLDLIKVRMQLQGETAFNPSFVHAPPPKVGPIISVGVKLVQQEGVTAL  
FSGVSATILRQLLYSTTRMGLYDVLKKKWSDPNFASGT MPLTYKITAGLIAGGIGAAVGNPADVAMVR  
MQADGRLPSPQRNYKSVVDAITRMTKDEGVTSLWRGSSLTVNRAMIVTASQLASYDQFKEMILEKGV  
MRDGLGTHVTASFAAGFVAAIMSNPVDVIKTRVMNMKVEHGAPPPYSGALDCALKTMRAEGPMALYKG  
FVPTISRQGPFTVVLFVTTLEQVRNLLKDF

>*Vigna radiata* UCP1a (cDNA deduzido)

ttttcatacagaggaatcgagtttgatctcagctttttcaaaaggatcaaagggaggtcccaaat  
ttgcatacgcacctttgggttctctcccaaggcaataacaatc **atg**gttagcagattcctaagtcca  
aatccgacctcttttcggcaaacctttgccagcagtgctttctctgcatgtttcgcagag **gg**tggtg  
actattcccttgacactgccaagttaggcttcagcttcaaaaacaagctgcagcgggtgatataat  
ctctttgcctaaatataagggatgctgggaacagttgggtaccattgcaagggagaaggtcctttcgg  
cactctggaaggggattgtgccaggggttacatcgctcagtggtgtgtacggaggtttaagaattggggtta  
tatgagcct **tg**ttaagtctttgatgtggggaaggaccatgttgagatgttccattgtcaagaaaat  
tcttgctggattcacaact **gg**tcagtggaattgcagtggaatccaactgatcttgtgaaagtca  
gacttcaagcagaaggaaaactacctcctgggtgtcccaggcgttactctggatctttaaatgcttat  
tcaacaattgtgagaca **gg**aaggagttggggctctttggaccggctctggcccaatatagcaagaaa

tggatcatcaatgctgcggaattagccagctatgatcaagtgaaaca **ga**ctat tttgaaaattccag  
 gattcactgataatggtgtaactcatctccttgccttggggcagggtttttgctgtctgtatt  
 ggctccccagtagatgt **gg**ttaagtccagaatgatgggagattctagttacaagaacacccttgattg  
 ttttatcaaaacattaagaatga **tg**gaccaatggccttttacaagggtttccttccaaat tttggac  
 ggctaggatcttggaatgtgatcatggttcttaactttagaacaga **ga**ctaaaaat ttcgtcaaaagctta  
 gagtcatct **tga**gctgagttcccttgaaaat tttctgagagggttatcacaacagcaaatgcagtga  
 aaat ttttagaacaagctttcttttcat tctgcaaactgaagggatgtggtaaagcatt tttttcagg  
 gatgaat tttttctttttat tttttgataataagtgaggat atgttattcatatataactaataact tttta  
 gcctttc

>Vigna radiata UCPl a (proteína deduzida)

MVADSKSKSDLSFGKTFASSAFSACFAEVCTIPLDTAKVRLQLQKQAAAGDIIISLPKYKGLMGTVGTI  
 AREEGLSALWKGIVPGLHRQCVYGLRIGLYEPVKSLYVGKDHVGDVPLSKKILAGFTTGAVAIAVAN  
 PDLVKVRLQAEGLPPGVPRRYSGLNAYSTIVRQEGVGALWTGLGPNRIARNGI INAAELASYDQVK  
 QTILKIPGF TDNVVTHLLAGLGAGFFAVCIGSPVDVVKSRMMGDSSYKNTLDCFIKTLKNDGPMAFYK  
 GFLPNFGRLGSWNVIMFLTLEQTKNFVKSLESS

>Vigna radiata UCPl b (cDNA deduzido)

gttcagtcaattcatgactgtgtccatatccatctctctataacttaaaacaaggaaaataaatcttca  
 aaggactat tttccatacaaaaccgagcacttaaaaaatgggcttatgggtcaaaactaaaataat  
 aatatacgcac ttttgaattaattctataaaaattatacgttaatacgtgtaattgcattctaaaatt  
 aactagatt ttaatatagattcagttattgaacaaagagctatataagaactcctctacctagtagtg  
 agtttcactgtcttgatgtggttcttctgaacac tttttttcttctctttctttccgctttgttttc  
 tattgcttcttgaattctctcttcat tttgtgtgaacatcttttggcctcgtcgaagca **atgg**tgggga  
 ggtggcagctccaatccgacatctcctttgctggcactttcggcagcagtgctttcgtgcatgttt  
 cgccga **gg**tatgactattcctctggacactgcaaaagttagacttcagcttcaaaaacagccggtga  
 ttggtgatgtgatcgcttacctaaatataggggaatgcttggaaaccgttgcaaccattgccagggaa  
 gaaggtctttcagcactttggaaggggattgtaccagggctacaacgtcaatgtgtgaaatggaggttt  
 aagaattgcattatatgatcc **tg**ttaagagtttctatgttgacactgacatgtcggagatgttccat  
 tgtctaagaaaat tcttgctggatttacaacc **gg**tgctatggcaattgctgtggccaatccaacagat  
 ctgtgaaagttagacttcaatctgaaggaaaattgcctcctgggtgtgccaggcgctacactggatc  
 ataaatgcttattcaacaatagtgagaca **ga**aaggagttggtgctctttggactgggattggacca  
 acataacaagaaatgggtatcattaatgctgctgaattggcaagctatgatcaagtgaaaca **ga**ctatt  
 ttgaaaattccaggattcaccgacaatgttttaactcatcttctagctgggtctagggggcagggttttt  
 tgcagtttggttggctccctgttgatgt **gg**ttaagtcaagaatgatgggagattctagttacaaaa  
 gcaccattgatgtttcatcaagacattaaaaaatga **cg**gaccttttgctttttataaagggttcata  
 ccaat tttggaaggctaggatcatggaatgtgatcatgttttaactttagagca **gg**ctaaaaagta  
 cgtcaaaagattagaatccgct **tga**cttctgaacagtttgctgtagaagttcttcagtagaatttcat  
 tttcaagagaataaaacttctttttttgaaatggaaatgttccaaaacatttatttttggttggggaa  
 aggaagtatcaagaaatgacaatagttatgatgtaattctcataaatttttctagttgggcttagt  
 gatgcagtgttatgtgtttcttcaatatcaagagaagataggatcttaacaaagggtttttctca

>Vigna radiata UCPl b (proteína deduzida)

MVGGGSSKSDISFAGTFASSAFAACFAEVCTIPLDTAKVRLQLQKQPVIQDVIALPKYRGLMGTVATI  
 AREEGLSALWKGIVPGLRQCVNGGLRIALYDPVKSFYVGPDPVPLSKKILAGFTTGAMAIAVAN  
 PDLVKVRLQSEGKLPPGVPRRYTGSLNAYSTIVRQEGVGALWTGIGPNITRNGI INAAELASYDQVK  
 QTILKIPGF TDNVLTHLLAGLGAGFFAVCVGSPVDVVKSRMMGDSSYKSTIDCFIKTLKNDGPFMAFYK  
 GFIPNFGRLGSWNVIMFLTLEQAKKYVKRLESA

>Vigna radiata UCP2 (cDNA deduzido)

```

ttggagtgtgaaaagaacgcaagtaacactgttttaaccgtgaactggtttgaagtagagtatcctta
acgagagagttgttaagttaatgcgactagctccttcagcttcttaaactctcacaccacctaacc
cttttttcttctccagtggcgtaacaatgtcagatccgaaccagatttcggttcgctgtatccttc
ttgtgcagcgttttcgcagcttgtttcgccgagtgttaccattcctctggacacagctaaggtcag
gcttcaactacaaaagaaggtaggggtgatgatggagtggtttacctaatacaagggcatgctaa
gcacaattaagaccattgctagagaagaggggtgatcagctctgtggaaaggaattgttcctggtttg
catcgccaatgtttatatggaggcttaagaatcggattatatgatccctcaagacatttcttgttgg
tagtgcctttgttggagaggttccaatataccatatgatcctggctgctctgctcactggctttag
caatcacgattgctaatacactgatcttgttaaagttaggcttcaatctgaaggtcatctgccatct
ggggtacctaggcgttattctggtgccatagatgcttatttaactatattgaaacaagaaggaatagg
ggccttgtggactgggcttgggccaacatagcaaggaatgcaattataaatgctgctgaattagcta
gctatgataaagtgaaacgacgattttgaaaattccagggttcatggacaatgtctatactcacctt
cttgcctggcttaggggcaggtcttttgcctgtatttattggttctcccgttgatgtggatgaaatccag
gatgatgggggattcaacctacaaaacacatttgactgctttcttaagactttgcttaatgaggat
tttggccttctataaaggtttccttccaaattttggctcgagttaggagcctggaatgtgattatgttt
cttacttttgaacaagcgaagatttttgagaggataattattgcttcatgattgatattgacgaag
gaaaattagtgttcttctcggttgagtgctatcagatgaacggcaaatttattacaagaaggtgggt
ctttccacattcattccccacttcttcttgtggacggacatcatgcttaataatttagtcaatgaata
aaccgtcaaattacctctgtatatgattgtctcctgcttaagccatgtgaaggccacaattcaaagtt
tcaaacattcttagttaattaatagacctgaaattacatttacttgaaagacctacactgtactggat
tgatgtcagatacatttttctgggaaataaattgcctatttcccgactattgaaatagacaaattaa
tgaaacatgtatgcaaacttatatttagaggctctataattcattactttattcaaatatca

```

>Vigna radiata UCP2-00320 (proteína deduzida)

```

MSDPNQISFAVSFLCSAFAACFAEFCTIPLDTAKVRLQLQKKVGVDDGVGLPKYKGMNSTIKTIAREE
GVSALWKGI V PGLHRQCLYGGRLRIGLYDPVKTFVLVGSFAFVGEVPIYHMILAALLTGALAITIANPTDL
VKVRLQSEGHLP SGVPRRYS GAIDAYLTILKQEGIGALWTGLGPNIARNAI INAAELASYDKVKRITIL
KIPGFMDNVYTHLLAGLGAGLFAVF IGSPVDVVKSRMMGDSTYKNTFDCFLKTLNNEGFLAFYKGF LP
NFRVGAWNVIMFLTFEQAKRFLRG

```

>Vigna radiata UCP3 (cDNA deduzido)

```

atcaataactatgtgtatggtaccatgtctagatgtataagggataaaatcgtatacatgtatgagt
tattattgatgtacaagtacatgtacatgtacgtgaattttctttcatttatctatgggctttttct
gggtgctgatagaactgaaccggtgtcatcatcactgctccgaatggctgaggaaaattagaatctaa
tcgtggattgctgatgaataggtaacaacattgcagtgaaaatatttcatctgtagtgacagtcactg
gaatccttgaaccgccttctgggtgagttgggtctttcttgaatgtacccaaatgaaatcaggccatga
acatgggtggagttgatactgctcagacaaaggtcttactaacatcgttctcagctatgggtggctgaga
ccacgactttccccatagacttgatcaaaacaagactccaactgcatggcgaatcactttcatcgagt
cgtcccactagtgcatatcgagtaggtttgggcatgttcgtgaacaaggtgttgttggcctttacag
tggcctgtctccagcaattattagacacctgttctacacgcctattcgaattgttgggtacgagcacc
tgagaagtgtggtttctgctgataatgggttcattctctattgttggcaaggctgtagtcggtggaacc
tctgggtgcatggctcattatagccagccctgccgatcttgtcaaggtgaggatgcaagctgatgg
ccacaggggtgaaccaaggtcttcaacctcggatttcggggccatttgatgctctgaacaaaattgttc
gagctgaaggatttcgaggactgtggaaggggtgttttcttaatatccaagagccttcttagtgaac
atgggagaacttgctgttatgacctgctaaacaatttgaattagaagtaggatagccgatgataa
tgtttatgccacacattagcttccatcatgtcagggttagctgcaacttctttaagttgtccagctg
atgtgggtgaagactagaatgatgaatcaagcagccaaaaggggaagggaaatattatataatagctct
tatgactgcttggtaaaagacagtaaaagttgaaggaataagagcattatggaaaggatttttccccac

```



gatcatacgccttcatatatactacattactactttctctccaactcagc**atg**actgtaaaagggtttt  
 ttgaagggtggcgttgcctccatcgcttgaggttgctccaccaccaccactcgacctcatcaaagttcgc  
 atgcagcttcaagaaacgcacaacctccgccccgcgtttgcgtttcacgcgtccactccaatgcccgc  
 tccgcctccttccggctctatatcagtcggcgtccgaatcgccagtcggagggcgctcgccgcgctct  
 tttccggcgctttccgccacaatgctccgtcagacgctgtactccaccaccgcgtatgggcctctacgac  
 gtgctcaagcgccattggaccgacccccgagcagggcaccatgccccctctcgcgaaagataacggcggg  
 cctgatcgccggagggatcggcgcagccgtggggaacccccgccgacgtggccatgggtgcgaatgcagg  
 cagatgggcccggctccggcggctgagcggcgcaactacaagggtgtgttcgacgcgatacggcgcgatg  
 agcaaccaggaggggggttggcagcctgtggcgtggctcagcgcctcacagtgaaccgcgcgatgatcgt  
 gacggcgtctcagttggcgtcgtacgaccagtttaaggaaactatcctcggacacgggtggatggagg  
 atgggctagggaccacgtagctgcgagttttgcggcgggttttggtgcttctggtgcgctcgaatcct  
 attgatgttataaagacaagggtgatgaacatgaagggtgaggcttacaatggggccttcgattgtgc  
 tatgaagactgttagggctgaaggacctcttgcccttataagggtttcatccctacaatctcaaggc  
 agggctccttttacgctcgtgctctttgtcacctcgaacaagtcaggaagctgctcaaggagttt**tga**  
 ttttgatattcacttcctattcaatattcattcattgattgagatgcatattcagatgatgacgaac  
 catttgtaacctttgcttctttttatattaatgattagttta

>Vigna radiata UCP5a (proteína deduzida)

MTVKGFFEGGVASIVAGCSTHPLDLIKVRMQLQETHNLRPAFAFHASTPMPPPPPSGPISVGVRIVQS  
 EGVAALFSGVSATMLRQTLYSTTRMGLYDVLKRHWTDPEQGTMLPLSRKITAGLIAGGIGAAVGNPADV  
 AMVRMQADGRAPAAERRNYKGVFDAIRMSNQEGVGLWRGSALTVNRAMIVTASQLASYDQFKETIL  
 GHGWMEDGLGTHVAASFAAGFVASVSNPIDVIKTRVMNMKVEAYNGAFDCAMKTVRAEGPLALYKGF  
 IPTISRQGPFTVVLFVTTLEQVRKLLKEF

>Vigna radiata UCP5b (cDNA deduzido)

atactttccattatTTTTTTTTTccttcaagcttttcccgaaaattctctgacaaaatcaaccctac  
 cctccttcccaatttccctaattcttacaagcagtaaaacttttcatctaactcgaa**atg**ggcgctga  
 aaggttttgtggaaggagggatcgcttccgtgatcgcaggatgttccaccaccctcttgatctcatc  
 aaggctcgaatgcagctccaaggagagaaagccttccaccctagcttctgctccatgcaccgccacccea  
 ggtgggaccatttccgtcggcgtcaaattagtccaacaagaagggtgtcaccgcgcttttctccggcg  
 tctccgccactattctccgccagcttctctattccaccaccgcgatgggactctacgacgtgctaaaa  
 aagaaatgggtctgatcccaactctgccagtgccaccatgccctaacctacaagatcacggcagggct  
 aatcgccgggtggaataggcgctgccgtcggaacccccgccgacgtggcaatgggtccgcatgcaagccg  
 acgggagactcctccatctcaacgacgaaactataagtcgctcgttgatgccatcacgagaatgaca  
 aaagacgaagggtgtcactagtctatggcgtggctcatcacttacgggtgaaccgcgctatgatagtcac  
 ggctcacaacttgctcttacgaccagttcaaggagatgattttggaaaagggtgtaatgcgctgatg  
 ggctcgggaccatgtaacggcaggtttcgcggcgggggttggtggctgcggttatgtccaaccctatc  
 gatgtgataaagactagggtgatgaacatgaagggtggagcacggggcgccgcgctactccgggtgc  
 acttgactgtgccttgaagactatgcgtgcggaggggtcccatggctctatacaaagggtttgttcccta  
 cgatttcgagacagggacccttcacgggtgtgctggttcgtcacggttagaacaagttcgcaacttgctt  
 aaggatttct**taa**gtacgaggatgatgatgacagaaagaacaagatggttccatagggttccataattat  
 agtcaatttaaaaaaaaaaattatggagttttgttttagatacttaaaagttattttggtaggtact  
 tttgcttttagtttaagatttggtgctatgtagttcaaaagtcagatattaattgggtattacgtagc  
 tgttacctt

>Vigna radiata UCP5b (proteína deduzida)

MGVKGFVEGGIASVIAGCSTHPLDLIKVRMQLQGEKAFHPSFVHAPPPKVGPIISVGVKLVQQEGVTAL  
 FSGVSATILRQLLYSTTRMGLYDVLKKKWSDPNSASGTMLPTYKITAGLIAGGIGAAVGNPADVAMVR  
 MQADGRLPPSQRRNYKSVVDAITRMTKDEGVTSLWRGSSSLTVNRAMIVTASQLASYDQFKEMILEKGV

MRDGLGTHVTASFAAGFVAAVMSNPIDVIKTRVMNMKVEHGAPPPYSGALDCALKTMR AEGPMALYKG  
 FVPTISRQGPFTVVLFVTTLEQVRNLLKDF

>Arachis\_duranensis\_ucplaI (cDNA deduzido)

aagcagagggcagaaagcaaaaggaaaaggaaacaagagacaatgaaatgaggattcagaaagcaacaa  
 caccaaacactttgatgtgtataaatggatgatagagacagccacagtatagttctcaatttccaac  
 gcaaacgcaaaccttcgctatcctttcccagcacttggtctctcgaattctgaattgaaaggaaaga  
 atggtagctgatggcaactccaaacctgacatctccatcgctggaaccttcgccaccagtgtcttctc  
 tgcattgttctcgtgaggcgtgactattcccttggacactgccaaagttaggcttcagcttcaaaaac  
 aagcttttaggtgccaatgtggtgacgacgcctaataataagggtatgatggggactgttgcgaccatt  
 gctaggggaagaggggtcttgcagcactctggaagggcattgtcccggggctacatcgatcaatgtt  
 tggaggtttaagaattgggttgtatgatcccttaagactttatatgtcggaaaggatcatgtcggag  
 atgttccattgcccaaaaaaattcttgcctgacattaacaaccgggtgctgtggcaattgcagtagcgaat  
 ccaacagatcttgttaaagtagacttcaagcagaaggaaaattgcctcctgggtgtgccaaggcgtta  
 ctctggatctttaaatgcatattctacaattgtaaaacagggaattgcagcccttggactggct  
 ttggccccaatatagccagaaatgctattatcaacgctgccgaactggcagctatgatcaagtgaaa  
 caggcagatttgaattgccaggcttctctgataatggtgtaactcatctccttctggcttaggggc  
 agggttttttgctgtttgtattggatcccagttgacgtggttaagtcaagaatgatgggagattcta  
 gttacaaaagcacccttgattgttctcaagacattgaagaacgatggaccttttgccttttataaa  
 ggcttcatccaaattttggacggttaggatcttggacgtaatcatgttctaaccttagaacaaac  
 taagaagatcgttgggcggttagagtcaacctgaacacaaccaatttacatggaggattttccaaggg  
 aactgtttgtgactgccaaatgcaatggagtttattgaaaatagagggatcatctctccataatttgc  
 taccatgatgacggttaacaagaagatatgtagaaagataatagttattagaag

>Arachis\_duranensis\_ucplaI (proteína deduzida)

MVADGNSKPDISIAGTFATSAFSAFSAEACTIPLDTAKVRLQLKQALGANVVTTTPKYKGMGTVATI  
 AREEGLAALWKGIVPGLHRQCLYGGLRIGLYDPVKTLTYVKGKDHVGDVPLPKKILAALTGAVAI  
 AVANPTDLVKVRLQAEGKLPPGVPRRYSGSLNAYSTIVKQEGIAALWTGLGPNIARNAI  
 INAAELASYDQVKQTILKLPGFSDNVVTHLLSGLGAGFFAVCIGSPVDVVKSRMMGDSSYKSTL  
 DCFKTLKNDGPFPAFYKGFIPNFGRLGSWNVIMFLTLEQTKKIVGRLEST

>Arachis\_duranensis\_ucplaII (cDNA deduzido)

gtgtataaatggatgatagagacagccacagtatagttctcaatttccaatgcaaacgccaacactt  
 cgcttctcctttcccaaacacgacactttgttcttcagaattgaaaggaaaaatggtagctgatgg  
 caagtccaacactgtgatctccttgcctggaaccttcaccagcagtgcttctctgcatgctttgctg  
 aggtgtccactattcccttggacactgccaagtttaggcttcagcttcaaaaacaagctttgggtgcc  
 aatgcactcacgacgcctaattataagggtatgatgggaactgttgcgaccattgctagggagaag  
 tcttgcagcactctggaagggcattgtgccggggatacatcgatcaatgcttgtatggaggtttaaga  
 ttgggttgtatgatccctgtaagactttatatgtcggaaaggatcatgtcggagatgttcgattgccc  
 aaaaaattcttgttgcgctaacaacggcgtgatgtggcaattgcagtgccgaatccaacagatattg  
 ttgaagtttagacttcaagcagaaggaaaattgcctcctgggtgtgccaaggcgttactcgggatctt  
 aatgcatattctacaattgtgaaacagggaaggaattgcagcccttggactggcttggccccaatat  
 agccagaaatgctattatcaatgctgctgaattggccagcaatgatcaagtgaataagactattttga  
 aatgccaggcttctctgacaatgttgaactcatctccttctggcttagggggaggggtgttttgc  
 gtttgtattggctctccagttgatgtggttaagtcaagaatgatgggagattctagtttcaaaagc  
 ccttgattgttctcaagacattgaagaacgatggaccttttgccttttatatagttctcatcccaa  
 atttggacggctaggatcttggacgtaatcatgttctaaccttagaacagacatagaagatcgtt  
 ggacgttttagagtcaacctgaacacaaccaatttacatggaggattttccaaggaaactgtttgtgac

tgccaaatgcaatggagggtattgaaaatagagggtcatctctatattttgctacccatgatgcggtt  
aaacaagaagatatatggagagagataatagttattagaagggaaacaagtaa

g- adição

c- deleção

t- substituição por c

at- substituição por ta

cDNA consertado

>Arachis\_duranensis\_ucplaII (cDNA deduzido)

gtgtataaatggatgatagagacagccacagtatagttctcaatttccaaatgcaaacgccaacctt  
cgcttcttcccttcccaaacacgacactttgttcttcagaattgaaaggaaaaatggttagctgatgg  
caagtccaaacctgtgatctccttggctggaaccttcaccagcagtgcttctctgcatgctttgctg  
agggtgtccactattcccttgacactgccaagttaggcttcagcttcaaaaacaagctttgggtgcc  
aatgcactcacgacgcctaattataagggatgatgggaactgttgcgaccattgctagggagaagg  
tcttgcagcactctggaagggcattgtgcccgggatacatcgtcaatgcttgtatggaggtttaagaa  
ttgggttgtatgatccgttaagactttatatgtcggaaaggatcatgtcggagatgttcgattgctg  
aaaaaattcttgttgcgctaacaacgggtgatgtggcaattgcagtgggcaatccaacagatattgt  
tgaagttagacttcaagcagaaggaaaattgcctcctgggtgtgccaaggcgttactcgggatcttta  
atgcatattctacaattgtgaaacagggaaggaattgcagcccttggactggcttggccccaatata  
gccagaaatgctattatcaatgctgctgaattggccagcaatgatcaagtgaacagactatatttgaa  
attgccaggcttctctgacaatgttgaactcatctccttctgggtctagggggaggggtttttgctg  
tttgtattggctctccagttgatgtggttaagtcaagaatgatgggagattctagtttcaaagcacc  
cttgattgttctcaagacattgaagaacgaaggaccttttgcttttatatagtcttcatcccaaa  
ttttggacggctaggatcttggaacgtaatcatgtttctaaccttagaacagactagaagatcgttg  
gacgttttagagtcaacctgacacaaccaatttacatggaggattttccaaggaaactgtttgtgact  
gccaatgcaatggagggtattgaaaatagagggtcatctctatattttgctacccatgatgcggtta  
aaacaagaagatatatggagagagataatagttattagaagggaaacaagtaa

>Arachis\_duranensis\_ucplaII (proteína deduzida)

MVADGKSKPVISFAGTFTSSAFSACFAEVSTIPLDTAQVRLQLQKQALGANALTPPNYKMMGTVATI  
AREEGLAALWKGIVPGIHRQCLYGGLRIGLYDPVKTLTVGKDHVGDVRLRKKILVALTTGDVAIAVAN  
PTDIVEVRLQAEGKLPPGVPRRYSGLNAYSTIVKQEGIAALWTGLGPNIARNAI INAAELASNDQVK  
QTILKLPGFSDNVVTHLLSGLGGCFAVCIGSPVDVVKSRMMGDSSFKSTLDCFLKTLKNDGPFIFYI  
VFIPNFGRLGSWNVIMFLTLEQTKKIVGRLEST

>Arachis\_duranensis\_ucplb\_00697 (cDNA deduzido)

atcaaatctgagaatctattttgtgcaacgatattccgagagagaaaaccacattgaattttgggtttc  
cgaaaatcagagacagtaatatcttagcaattttaaaaaggagccaatcagtaatcaccttcggct  
catttgccaaggctgcatcactatcgcactcgcattttgcatcaaaacctcctcttctctctt  
cctcttatagattctcttcttctcgctttatatataagtctcaattcagtgcaattcacccttcttctt  
agcatttttcttggtttcttctcctccttgaaacctggtggctgggcaactccaatccgata  
tctcctttgctggcactttcgccagcagtgcttctcagcgtgttctcgctgaggtgtgactattccc  
ttggacactgccaagttaggcttcagcttcagaaacaagctgtagcgggtgatgcagtgaccttacc  
taatacaagggtatgatgggaacgggtgcaaccattgccagggagaaggctcttccggcactttgga  
aggggatcgtgccagggttcatcgtcagtggttgtacggaggtttaagaattgggtttatatgagcc



g ttaagaatttctatggtggcgatcatggtggagatgttccttggttgcagaaaatccttgctgc  
 attacaactggtgctgtggcaattgcagtgcaaatccaactgatcttgtgaaagtagactacaag  
 cagaaggaaaattgcctgctggtgtgcccaggcgctacactggctctctgaatgcttattctacaatt  
 gtgagacaggaggagttggagctctttggactgggattggcccaatatagcaagaaatgctatcat  
 caacgctgctgaactagccagctatgatcaagtgaacaactattttgaaaattccgggattcaccg  
 ataatggtgtgactcatcttcttggctggtctaggggctgggtttttcgcagctctgtattggctccct  
 gtcgacgtggttaagtcaagaatgatgggagattctagttacaaaagcacccttgattgcttcatcaa  
 aacgtaaagaatgatggaccagcagcctttacaaagggttcataccgaatttcggacggctaggat  
 ctggaaatgtgataatgtttctaactctagaacagaactaaaaattcgtcaaaagtttagaatcagcc  
 taagctccagcagttgagtagagtagaaaatgcaatggaacactcaagaaaataaaactccaattct  
 ctcaattttgctagctggagtagcaaaaatattttttggagggaaaaaatgagaataaacatattc  
 atgtatactagtagtatttaaagggttctaattttttcacgatattatttcttttgtcaattgtaa  
 ttctcttgaaagtttatttttattttgcgcatggccctctttc

>Arachis\_duranensis\_ucplb\_00697 (proteína deduzida)

MVAGGNSKSDISFAGTFASSAFSACFAEVCTIPLDTAKVRLQLQKQAVAGDAVTLPKYKGMGTVATI  
 AREEGLSALWKGIVPGLHRQCLYGGLRIGLYEPVKNFYVGRDHVGDVPLLQKILAAFTTGAVAIAVAN  
 PDLVKVRLQAEGLPAGVPRRYTGSLNAYSTIVRQEGVGLWTGIGPNIARNAI INAAELASYDQVK  
 QTILKIPGFTDNVTHLLAGLGAGFFAVCIGSPVDVVKSRMMGDSSYKSTLDCFIKTLKNDGPAAFYK  
 GFIPNFGRLGSWNVIMFLTLEQTKKFVKSLESA

>Arachis\_duranensis\_ucp2 (cDNA deduzido)

aattgaaaacagggttgctttcatgatacctcccttcttaatacactcaccgaaaagttcccatctttat  
 tgttttcgtaacattaataaaaataaaaaccgcattctttcacttcacatttttcaacaacaacaac  
 aatgctcagatcccaattccgcttcccagatttcattcgccaagccttcttctgcagcgccttcgccg  
 ctgcttcgccgagtgtttgtactcttctctgacacagctaagggtcaggcttcaactccaaaagaag  
 gttgggattgatgaagaagtaggtttacctaagtacaaggcctgctggggacaatgaagaccattgc  
 tcgagaagaggggtatatcagctttgtggaaaggcattgttctgggtattcatcgccaatggtggtatg  
 gaggcttaagaattgggttatatgatctgtcaaaacgtttcttgttggtagtgcatctggtggagag  
 gttcctttgtaccatatgatacttgctgctctgttgactgggtgctctggcaatcacggttgctaacc  
 aactgatctggtcaaagttagacttcaagctgaaggccagttgccaccaggggtacctaagcgttatt  
 ctgggtgcatggatgcttattctactatagtgagacaaggattaggggccttggtgactgggctt  
 gggccaaacatagcaaggaatgcaattataaatgctgctgaactagctagctatgatcaagtgaaaa  
 agcagattttgaaaattccagggttcacagacagtgcatcttactcaccttttagctggcttaggtgcag  
 gtctttttgctgctttattgggttctccagttgatgtggtgaaatctagaatgatgggcgattcaacc  
 taaaaagtagctttgactgctttctcaagacttcatttaacgaggatttttggccttctacaaagg  
 tttccttctaaatgggtcgagtaggagcctggaatgtgattatggttcttacccttgaacaagcca  
 agagattttcagcggatgaagttaactgttgatcatatgagattcatgaagcagtttggtgcttct  
 ttcttggatgactgctgccaaattgtcaacaattttgttccaactgaaagatggctttaacaaatcat  
 ctgacgctggattgattcatgcatcagatattctttgtcagtgaaagaaaccgtgaaattctacattt  
 ctctatttttgttctacttgtgctttagatgcaatggatcgatcattcttaaattcttaaccaat  
 gaattggcctctttgggcatctacactgtactgtacctatataatgaatttgatatagtgaacgacac  
 ttacttttctattcatttttttggacaagacttttctattcaataacaggacaatttttttgagccc  
 aagctaagattggatg

>Arachis\_duranensis\_ucp2\_00002 (proteína deduzida)

MSPDNSASQISFAQAFFCSAFAACFAEFCITLPLDTAKVRLQLQKQVGLDIEEVGLPKYKGLLGMTKTI  
 REEGISALWKGIVPGIHRQCVYGLRIGLYDPVKTFVLVGSFVGEVPLYHMILAALLTGALAITVANP  
 TDLVKVRLQAEGLPAGVPRRYTGSLNAYSTIVRQEGVGLWTGIGPNIARNAI INAAELASYDQVKM

TILKIPGFTDSAFTHLLAGLGAGLFAVFIGSPVDVVKSRMMGDSTYKSTFDCFLKTSFNEGFLAFYKG  
FLPNFGRVGAANNVIMFLTLEQAKRFFSG

>Arachis\_duranensis\_ucp3 (cDNA deduzido)

tttttttccctttccggcaaaaacagatctaagaaacatgtcagggaaaagtattttgggaaagga  
aattaggggttcggaagctgccttttcgattatttttctcaattgctccttgttcacaatttta  
acatgaaaattgaaccatttattacaataactgtattataatacatctcttaactctctatgatt  
gttctcggttctcactgttcctacggtaggaaaaaggaacacgcttgtgtttaacgattgtgtcatca  
tgagcagcccaaatgctttttaaggatcattagagccaaaagatatcatttaaatataactgtca  
tgagttcgtgggttcctcaattgcctcaaaacagactttaggtatttttctgtaactctatagcc  
tgaaatcaggccatcaacatggtggaggtgataatgctcacacaaagatcttacttacttactgtca  
gcatggtggctgagactacaactttcccaattgacctgatcaagaccaggttcagctccatggtga  
gtcgttttctcaagccgaccactggtgcagttcgaatagcagcagaaattatccgtgaacaaggtc  
ctcttggcctttacaaaggtggtctccagcaatcataagacacctattctacacacctattcgaatt  
gtcgggtatgaacatatgaggagtgtggtttcagctgataatgcttactctctatctttagcaaggc  
tctgttgggtggaatcagtggttgcattggtttgtagcaagtccagccgatctgtcaaggtgc  
ggatgcaagctgatggcctgatggcaaggcaggtattcaacctcgatattcgggaccattcagatgct  
tttaggaagattgttcaggctgaaggattaaaagggctgtggaaggggttttgcctaattgtccaag  
agcgttcttgggtgaacatgggagaattagcatgctatgatcatgccaacaattggttattagaagca  
ggatagctgatgataatgtttacgcccacacattagcttccatcatgtcaggtcttgcggcaacttct  
ttaagttgtccggctgatgtcgtgaagactaggatgatgaatcaagtggccaaggaagggaaagtctt  
gtatattagctctcttgattgcttggtaagacagttaaagttgaaggaattcaagcactgtggaaag  
gattcttcccagatgggctcggctaggtccatggcaatttgtattctgggtatcctacgagaagttc  
agaaaaattgcagggtctctctctttctgatgtaatggt

>Arachis\_duranensis\_ucp3 (proteína deduzida)

MKSGHQHGGDNAHTKILLTSLSAMVAETTTFPIDLIKTRLQLHGESLSSSRPTGAVRIAEEIIREQG  
PLGLYKGWSPAIIIRHLFYTPIRIVGYEHMRSVVSADNASLSIFSKALVGGISGCMAQVVASPADLVKV  
RMQADGRMARHGIQPRYSGFDAFRKIVQAEGLKGLWKGVLPNVQRAFLVNMGELACYDHAKQLVIRS  
RIADDNVYAHTLASIMSGLAATSLSCPADVVKTRMMNQVAKEGKVLVYISSLDCLVKTVKVEGIQALWK  
GFFPTWARLGPWQFVFWVSYEKFRKIAGLSSF

>Arachis\_duranensis\_ucp4 (cDNA deduzido)

attatattcctcactattcatcatacccttgggtctctacaatcatcaatccaaagttccaaactcca  
atcgggtccattcccttacgctaataattttccggaaaaattctctgacaaaatcaaacaccacccccca  
caagctcaatttctttgattctctcaaagctcgaaacttttgcgcataactccaaatgggtctcaaag  
gtttcgtggaaggaggcattgcttccgtcgttgcaggatgctccaccaccctctcgacctcatcaag  
gtccgaatgcagctccagggcgagaccaccaaccgcctctcgtctacactctacctcaaccacgc  
gccgccgcatcctcccgtcccaaagccggtccaattgccgtcggcatcaagcttgtgcaacaagaag  
gctcgtcgtcccttttctcaggagtatccgtaccgtcctccggcagctcctctactccaccacccgc  
atgggcctctacgatatgttcaagaataagtgggtccgatccaatgccggcggcagcatgtcactatc  
acggaagatcgcgccggggctgattgctggcgggaatcggcgccgagggttgaaaccccgtgacgtgg  
caatggtccgcatgcaagctgacggaaggctcccgcgcccaacgacggaactataattccgtgttg  
gatgccatcacaaggatggttaggaatgaggggtgttactagtctctggcgcggttcatcgttaacggt  
gaatcgcgcatgatagtgacagcctcacaattggcctcctacgacgagttcaaggagatgatactga  
aaaagggattgatgcgtgatgggcttgggaccacgtaacggcgagtttgcagcgggtttcttggcg  
tccgtgacctcaaaccccggtggacgtgatcaagacaaggggtgatgaacatgaaggtggagccgggggc  
ggcgccgctgattccggagcgttggattgcgccatgaagacgggtgcgcgaggaggggcctatggctc  
tatacaaaggattcattcctacgattacgaggcagggacccttcacgggttgtgctgtcgtcacggtg

gaacaagttcgaaagttgctgaaaaatthttgaggtgtaccgtggtgtccaagaacaagcttccacac  
aagatttctttttgaagacaaatthttggttagtcttaagatagaatgtgtgttatttaatttcttcc  
tggtatactcctttaaattggtgatattgtagaacactttatgactaagatcagaattaagatcatagt  
tactatthtcagtggaagcatggatattggttgcgga

>Arachis\_duranensis\_ucp4 (proteína deduzida)

MGLKGFVEGGIASVAGCSTHPLDLIKVRMQLQGETTQPALALHSTSTHAPPHPPAPKAGPIAVGIKL  
VQQEGVVALFSGVSATVLRQLLYSTTRMGLYDMFKNKWSDPNAGGSMSLSRKIAAGLIAGGIGAAVGN  
PADVAMVRMQADGRLPPAQRNRYNSVLDIAITRMVRNEGVTSLWRGSSLTVNRAMIVTASQLASYDEFK  
EMILKKGLMRDGLGTHVTASFAAGFLASVTSNPVDVIKTRVMNMKVEPGAAPPYSGALDCAMKTVRAE  
GPMALYKGFIPITRQGPFTVVLVFTLEQVRKLLKNF

>Arachis\_duranensis\_ucp5 (cDNA deduzido)

aaaacacattcacacacatcagatctgacctatcatatgtctcagagggccgcccgtccccactcttc  
ttccatagcctgtggcctccattcccatcttatgggtctctagtgatatctccaactccaactgggtccc  
aatagttcccaatttactctctaattccattcttttctattctaatacactaaccaccaattcatcaatt  
ttgcaccacaacaacaacaacatcatgggtggttaagggttttagtagaaggaggcatagcttcaatcgt  
tgcaggctgttcaaccacccactcgacctcatcaaggctcgcagctccaaggcaggtccaatc  
caacctccgtaccttccctccgaccgcactcgccttccaaaccggatcccgatccatccacgtctca  
ccacctccgcaaatcaccacactcctcgcgtcggactcgtaaccgtcggcgtcaagctcgtccagca  
agaaggcctcgccgctctcttttctgggtgtctccgccaccgtcctccgccagacactctactccacca  
ctcgtatgggctctatgacctcctcaagcagaaatgggtccgtcccttccctgttcccggcggcgcc  
accaccatgcctctctcagcaagatcgaggcagggtaatcgccggcggcgtcggagccgcgcttgg  
taaccagctgacgtggccatgggtgaggatgcaggctgacgggagactccctccagctcagcggcgca  
actacaagtccgtcgtggacgccataacgaaaatggcgaagcaagaaggcgttgcttccctgtggcgc  
ggttcatcgcttaccgtgaaccgcgcgatgcttggttacggcgtcgcagctggcgtcgtacgaccagt  
caaggaagcgattcttgaaaaaggtttgatgcgcgatgggttagggactcacgtgacggcaggtttg  
cggcgggggttcgttgcagctgttgcttccgaaccctgttgacgtgattaagactagggtaatgaacatg  
aggggtggagccaggggctgagccgcctgacctggggctcttgattgtgcgctgaagacgggtgcgtgc  
ggaggggtccatggcgtgtacaagggtttcttctacgatatcgaggcagggctcttctactgttg  
ttctgttcggttacgcttgaacaggttcgcaagctcttcaaggatttctgagaagactaccaagatgat  
catcttcattatgataatggcgaaaaataaaatggtatgacttgcgttttttgtttactcgtgtctt  
gcgttttcaatattcctgatgttgctgctgtggtagagtcatttttattattatgatttaatccatca  
aatccaatatttctggaatcaactggcctacacttttttaatttttaataataaaaattcatgacaaaat  
ataaaaaatacaaatattatttttcaatttgtgatcgagcaaatcttcttgcgtccatcaatctcaa  
gaatacaaaagaaggtaggtaacaagtgggccaaaattttttattagaaaattatagaagattctatgg  
ttttagggtgtgagcgtgtaagtagcatagtcgggtgtagagtggtggaacagaacgcggtcattgtga  
gggtggaatgctaccgtgatthttgtgctaaaagatgctaactaaaagcgttggttaactgtttgacct  
tttcttttgtattactctttatgthttggtaagttattccagcggccagctttaacaagcgaagctac  
caaattgaagccttgcaagctggt

>Arachis\_duranensis\_ucp5 (proteína deduzida)

MGVKGFVEGGIASIVAGCSTHPLDLIKVRMQLQGESNPSTVPSLRPALAFQTGSRSIHVSPPPQITQP  
PRVGLVTVGVKLVQQEGLAALFSGVSATVLRQTLYSTTRMGLYDILLKQKWSVSPVPGGATTMPLSRK  
IEAGLIAGGVGAAVGNPADVAMVRMQADGRLPPAQRNRYKSVVDIAITKMAKQEGVASLWRGSSLTVNR  
AMLVTASQLASYDQFKEAILEKGLMRDGLGTHVTASFAAGFVAAVASNPVDVIKTRVMNMRVEPGAEP  
PYTGALDCALKTVRAEGPMALYKGFIPITISRQGPFTVVLVFTLEQVRKLFKDF

>Arachis\_ipaensis\_ucp1a (cDNA deduzido)

gaaaaa**atg**gtagctgatggcaagtccaaacctgcgatctccttcgctggaaccttcaccagcagtgct  
 tttctctgcatgctttgctga**gg**cgtgcactattcccttggacactgtaaaagttaggcttcagcttc  
 aaaaacaagcttttaggtgcccatgtggtgacgaccctaaatataagggatgatggggactggtgcg  
 accattgctaggaagaaggctcttgcatacctctggaagggcattgtcccggggctacatcatcaatg  
 tttgtatggaggtttaagaattgggttgtatgatcc**tg**taagactttatatgtgggaaaggatcatg  
 tcggagatggtccattgcccaaaaaatttcttgcctgcatcaact**gg**gtgtgtggcaattgcagtg  
 gcgaatccaacagatcttgttaaagttagacttcaagcagaaggaaaaatgcctcctggtgtgccaag  
 gcgttactctggatctttaaagtcataattctacaattgtaaaaca**gt**tcattgattatttctgtct**aa**  
 ctggtccttggcccaatatagccagaaatgctattatcaacgctgctgaactggccagctatgatcaa  
 gtgaaaca**ga**cgattttgaaattgccaggcttctctgataatgttgtaactcatctcctttctggtct  
 aggggcaggggttttttgcctggttattggatcccagttgacgt**gg**taagtcaagaatgatgggag  
 attctagttacaaaagcacccttgattggttctcaagacattgaagaacgat**tg**gacctttgccttt  
 tataaaggcttcatccaaattttgaacggttaggatcttggaaacgtaacatggttctaaccttaga  
 aca**aa**actaagaagatcgttggacgttttagagtcaacct**ga**acacaaccaattttacatggaggattttc  
 caagggaaactggttgtgactgccaaatgcaatggaggttattgaaaatagaggggtcatctctccatat  
 tttgctacctatgatgcggttaacaagaagatatatgtagagagataatagttattagaagagaaac  
 caaaaac

**AA**= SUBSTITUIDO POR **GG**

cDNA corrigido

>Arachis\_ipoensis\_ucpla (cDNA deduzido)

gaaaaa**atg**gtagctgatggcaagtccaaacctgcgatctccttcgctggaaccttcaccagcagtgct  
 tttctctgcatgctttgctga**gg**cgtgcactattcccttggacactgtaaaagttaggcttcagcttc  
 aaaaacaagcttttaggtgcccatgtggtgacgaccctaaatataagggatgatggggactggtgcg  
 accattgctaggaagaaggctcttgcatacctctggaagggcattgtcccggggctacatcatcaatg  
 tttgtatggaggtttaagaattgggttgtatgatcc**tg**taagactttatatgtgggaaaggatcatg  
 tcggagatggtccattgcccaaaaaatttcttgcctgcatcaact**gg**gtgtgtggcaattgcagtg  
 gcgaatccaacagatcttgttaaagttagacttcaagcagaaggaaaaatgcctcctggtgtgccaag  
 gcgttactctggatctttaaagtcataattctacaattgtaaaaca**gt**tcattgattatttctgtct**gg**a  
 ctggtccttggcccaatatagccagaaatgctattatcaacgctgctgaactggccagctatgatcaa  
 gtgaaaca**ga**cgattttgaaattgccaggcttctctgataatgttgtaactcatctcctttctggtct  
 aggggcaggggttttttgcctggttattggatcccagttgacgt**gg**taagtcaagaatgatgggag  
 attctagttacaaaagcacccttgattggttctcaagacattgaagaacgat**tg**gacctttgccttt  
 tataaaggcttcatccaaattttgaacggttaggatcttggaaacgtaacatggttctaaccttaga  
 aca**aa**actaagaagatcgttggacgttttagagtcaacct**ga**acacaaccaattttacatggaggattttc  
 caagggaaactggttgtgactgccaaatgcaatggaggttattgaaaatagaggggtcatctctccatat  
 tttgctacctatgatgcggttaacaagaagatatatgtagagagataatagttattagaagagaaac  
 caaaaac

>Arachis\_ipoensis\_ucpla (proteína deduzida)

MVADGKSKPAISFAGTFTSSAFSACFAEACTIPLDVKVRLQLQKQALGAHVVTTPKYKGMGTVATI  
 AREEGLASLWKGIVPGLHHQCLYGGLRIGLYDPVKTLTVGKDHVGDVPLPKKFLAALTGGVVAIAVAN  
 PDLVKVRLQAEGKLPPGVPVRRYSGLNAYSTIVKQFMIISVWTGLGPNRIARNAIINAAELASYDQVK  
 QTILKLPGFSDNVVTHLLSGLGAGFFAVCIGSPVDVVKSRMMGDSSYKSTLDCFLKTLKNDGPFAYK  
 GFIPNFERLGSWNVIMFLTLEQTKKIVGRLEST

>Arachis\_ipoensis\_ucplb (cDNA deduzido)

accacatcaaatctgagaatctatctgtgcaatgatatcccgagagagaaaccacattgagttttggg  
 ttccgaaaatcagagacagtaatatcttagcaattttaaaaagggagccaaatcagtaatcaccttc  
 ggctcatttgccaaggctgcatcactatcgactcgcatcttgcatcaaaaccatcctcttccctct  
 ctttccctcttatagattctctctctcgctttatatataagtctcaattcagtgaaatcaccctctt  
 ttcttagcattttctttgcttctctctcttgaaccatggtggctgggtggcaactccaaatc  
 cgatatctccttgctggcactttcgccagcagtgctttctcagcgtgtttcgctgagggtgacta  
 ttcccttggacactgccaagttaggcttcagcttcagaaacaagctgtagcgggtgatgcagtgacc  
 ttacctaatacaagggatgatgggaacagttgcaaccattgccaggaagaaggtctttcggcact  
 ttggaaggggattgtgccagggttcacatcgctcagtggttgatggagggttaagaattgggttatatg  
 agctggttaagaattctctatggtggcgtgatcatggtggagatgttctttgctgcaaaaatcctt  
 gctgcatttacaactgggtgctgtggcaattgcagttgcaaatccaactgatcttggtgaaagttagact  
 acaagcagaaggaaaattgcctgctgggtgtgccgaggcgctacactggctcactgaatgcttattcta  
 caattgtgagacagggaaggagtggagctctttggactgggattggcccaatatagcaagaaatgct  
 atcatcaacgctgctgaaactagccagctatgatcaagtgaacagactatcttgaaaattccgggatt  
 caccgataatgtgtgactcatcttctgctggcttaggggctggatttttcgcagctctgtattggct  
 ccctgtcgactggttaagtcaagaatgatgggagattctagttacaaaagcacccttgattgcttc  
 atcaaaacggttaagaatgagggaccagcagccttttacaagggttcataccaaatttggacggct  
 aggatcttggaaatgtgataatggttctaactctagaacagactaaaaaattcgtcaaaagtttagaat  
 cagcttaagctccagcagttgagtagagtagaaaatgcagtggaacactcaagaaaataaaactcca  
 attctctcaattttgctagcttgagatagcaaaaatattttttggagggaataaaatgagaataa  
 acatattcatgtatactagtagtttaaaaggttctaattttttcacgatattatttcttttgct  
 gattgtaattctcttgaaagttcatttttatttgggcatggccctcttccgaatttagagagtgaa  
 agcctataatgggttctctcatgaagtgaacacgaagcatcaagcttgatatttgcaatcaccata  
 gtttcttttctccttcaatcaattatta

>Arachis\_ipoensis\_ucp1 (proteína deduzida)

MVAGGNSKSDISFAGTFASSAFSACFAEVCTIPLDTAKVRLQLQKQAVAGDAVTLPKYKGMGMGTVATI  
 AREEGLSALWKGIVPGLHRQCLYGGLRIGLYEPVKNFYVGRDHVGDVPLLQKILAAFTTGAVAIIVAN  
 PTDLVKVRLLQAEGLKLPAGVPRRYTGSLNAYSTIVRQEGVGLWTGIGPNIARNAI INAAELASYDQVK  
 QTILKIPGFTDNVTHLLAGLGAGFFAVCIGSPVDVVKSRMMGDSSYKSTLDCFIKTLKNDGPAAFYK  
 GFIPNFGRLGSWNVIMFLTLEQTKKFVKSLESA

>Arachis\_ipoensis\_ucp2 (cDNA deduzido)

gcgaggagaaaatgggttaaagctcattaaactgatgagagaggaagtgaccgggaattgaattgaaaac  
 aggttgctttcatgctacctccttcttaatcactcaccaaaagttcccatctttattggttttcgctt  
 aacattaattaaaataaaaaccgcattctttcacttcacatttttcaacaacaacaacatgctcagat  
 cccaattccgcttcccagatttcattcgcccaagccttcttctgcagcgttttcgcccgttgcctcgc  
 cgaattttgtactcttctctggacacagctaaggtcaggcttcaactccaaaagaaggttgggattg  
 atgaagaagtaggtttacctaaagtacaagggtcgtggggacaatgaagaccattgctcgagaagag  
 ggtatatcagctttgtggaaaggcattgttcttggtatgcatcgccaatgtgtgtatggaggcttaag  
 aattgggttatatgatctcctcaaaacgcttcttggttggtagtgcatcgttggagaggttcttctgt  
 accatatgatacttgcctgctctgttactggtgctctggcaatcacggttgctaatccaactgatctg  
 gtcaaagttagacttcaagctgaaggccagttgccaccaggggtacctaaagcgttattctgggtgcat  
 ggatgcttattctactatagtgagacaaggattagggccttgtggactgggcttgggccaaca  
 tagcacggaatgcaattataaatgctgctgaaactagctagctatgatcaagtgaaaatgacgattttg  
 aaaattccagggttcacagacagtgcatcttactcaccttttagctggcttaggtgcaggtctttttgc  
 tgtctttattgggttctccagttgatgtggtgaaatctagaatgatgggcgattcaacctacaaaagta  
 cgtttgactgcttctcaagacttcaattaacgaggtttttggccttctacaatgggttctctcct  
 aattttgggtcgagtaggagcctggaatgtgattatggttcttacccttgaacaagccaagagattttt

cagcggataaagtgtagttactgttgatcatatgagattcatgaagcagtttgtggtctttcttggatg  
 actgctgccaaattgtcaacaaatttgttccaactgaaagatggctttaacaaatcatctgcgacgtg  
 gattgattcatgcatcagatattctttgtcagtgaagaaaccgtgaaattctacatttctctatTTTT  
 gtttccacttgtgcctttagatgcaatggatcgattattcttaaatcttaaccaatgaattggccc  
 tctttggggatctacactgtactgtaccatataatgaatttgatatagtgaaacgatacttacttttct  
 attcatgttttttttg

>Arachis\_ipoensis\_ucp2 (proteína deduzida)

MSDPNSASQISFAQAFFCSAFAACFAEFCTPLPLDTAKVRLQLQKKGVIDEEVGLPKYKGLLGMTKTIA  
 REEGISALWKGIVPGMHRQCVYGLLRIGLYDPVKTFVLVGSFVGEVPLYHMILAALLTGALAITVANP  
 TDLVKVRLQAEQQLPPGVPKRYSGAMDAYSTIVRQEGALWTGLGPNIARNAI INAAELASYDQVKM  
 TILKIPGFTDSAFTHLLAGLGLFAVFIGSPVDVVKSRMMGDSTYKSTFDCFLKTSFNEGFLAFYNG  
 FLPNFGRVGAWNVIMFLTLEQAKRFFSG

>Arachis\_ipoensis\_ucp3 (cDNA deduzido)

tttttttccctttccggcaaaaacagatctaagaaacatgtcagggaaaagtatttgggaaagga  
 aattagggtttcggaaagctgccttttcgattattatttttctcaattgctccttgttcacaatttta  
 acatgaaaatttgaaccatttattacaataactgtattataatacatctctttaactctctatgatt  
 gttctcggttctcactgttctacggtaggaaaaaggaacacgcttgagttaacgattgtgtcatca  
 tgagcagcccaaatgctttttaaggatcatttagagccaaaagatatcatttaactcataactgtca  
 tgagttcgtgggttctcaattgcctcaaaaacagactttaggtatttttctggaatcctatagcca  
 tgaatcaggccatcaacatggtggaggtgataatgctcacaaaagatcttacttacttactgtgca  
 gccatggtggctgagactacaactttcccaattgacctgatcaagaccaggcttcaactccatggtga  
 gtcgctttcctcaagccgaccactgggtgcagttcgaatagcagcagaaattatccgtgaacaaggct  
 ctcttggcctttacaaaggctggtctccagcaatcataagacacctattctacacacctattcgaatt  
 gtcgggtatgaacatatgaggagtgtggtttagctgataatgcttactctctatctttagcaaggc  
 tcttgttgggtggaatcagtggttgcaggtcagggttagcaagtcagccgatcttgtcaagggtgc  
 ggatgcaagctgatggccgatggcaaggcaggtattcaacctcgatattcgggaccattcgatgct  
 tttgggaagattgttcaagccgaaggattgaaagggctgtggaaggggtttttgcctaattgtccaag  
 agcgttcttgggtgaacatgggagaattagcatgctatgatcatgccaacaattgggtatcagaagca  
 ggatagctgatgataatgtttatgccacacattagcttccatcatgtcaggtcttgcggcaacttct  
 ttaagttgtccagctgatgtcgtgaagactaggatgatgaatcaagcggccaaggaagggaaagtctt  
 gtatgttagctctcttgattgcttggtaaaagacagttaaagttgaaggaattcaagcactgtggaaag  
 gattcttcccacatgggctcggctaggtccatggcaatttgtattctgggtatcctacgagaagttc  
 agaaaaattgcagggtctcttctttctgaatgttcttactcataaaaatagcttctgtattcat  
 aaaaaactcacaattcaatgcacacacacctagattcattccttataatttaaactattataagcctt  
 ctatgtagttgccttgtatggctaattttcaacttttagtaatggaagagttacaatttgttatgaa  
 ggtgat

>Arachis\_ipoensis\_ucp3 (proteína deduzida)

MKSGHQHGGGDNAHTKILLTSLSAMVAETTTFPIDLIKTRLQLHGESLSSSRPTGAVRIAEEIIREQG  
 PLGLYKGWSPAIRHLFYTPIRIVGYEHMRSVVSADNASLSIFSKALVGGISGCMAQVVASPADLVKV  
 RMQADGRMARHGIQPRYSFPDFAFGKIVQAEGLKGLWKGVLPNVQRAFLVNMGELACYDHAKQLVIRS  
 RIADDNVYAHTLASIMSLAATSLSCPADVVKTRMMNQAAKEGKVLVYVSSLDCLVKTVKVEGIQALWK  
 GFFPTWARLGPWQFVFWVSYEKFRKIAGLSSF

>Arachis\_ipoensis\_ucp4 (cDNA deduzido)

tagctagatgccttagattccactttccataacataatccatctttctgtgcccgtgtccatatatac  
 aaacctttatataatttataattcttataaattagtttctttcctcttcacagttctttcagagtagctta

tgtctaaaagacaaaggcccaacattatattcctcactattcatccatacccttgggtctctacaatca  
 tcactccaatcgggtccattcccttacgctaataatccccgaaaattctctgacaaaatcaaacacc  
 accccctacatgctcaatttctttgattctctcaaagctcgaaacttttgcgcataactccaaatggg  
 tctcaaagggttcgtggaaggaggcattgcttccgctcgttgaggatgctccaccaccctctcgacc  
 tcatcaagggtccgaatgcagctccagggcgagaccaccaaccgcctcgccttacactctacctcc  
 acccacgogccgcccgcacacctccgctcccaaagccgggtccaattgcccgtcggcatcaagcttgtgca  
 acaagaaggcgtcgtcgcctttactcaggagtatccgccaccgctcctccggcagctcctctactcca  
 ccaccgcgatgggctctacgatatggtcaagaataagtgggtccgatcccaatgcccggcggcagcatg  
 tcactatcacggaagatcgcggcggggctgattgcccggcggaaatcggcgtcgggttggaaacccgc  
 tgacgtggcaatgggtccgcgatgcaagctgacggaaggctcccgcgcccaacgacggaactataatt  
 ccgtgttggatgccatcacaaggatgggttaagaatgaggggtgctactagtctctggcgcgggttcatca  
 ttaacgggtgaatcgcgcaatgctgggtgacagcctcacaattggcctcctacgacgagttcaaggagat  
 gatactgaaaaagggtatgatgcgtgatgggcttgggaccacgtaacggcaggttttgcggcgggtt  
 tcgtggcatccgtgacctcaaaccgcgtggacgtgatcaagactagggtgatgaacatgaagggtggag  
 ccaggggcccggagccgcgtattccggagcgttggattgcccgatgaagacgggtgcgcgcccggagggcc  
 tatggccctatacaaaggattcattcctacgattacgaggcagggacccttcacggttgtgctgttcg  
 tcacgttggacaagttcgaaagttgctgaaaaattttgagggtgtaccgtgggtgtccaagaacaagc  
 gatccacacaagattttggttttaagacaaaatttggttagtcttaagatagaatgtgtgttattta  
 atttcttctggtatgatcctttaatt

>Arachis\_ipoensis\_ucp4 (proteína deduzida)

MGLKGFVEGGIASVAVGCSTHPLDLIKVRMQLQGETTQPALALHSTSTHAPPHPPAPKAGPIAVGIKL  
 VQQEGVVALYSGVSATVLRQLLYSTTRMGLYDMFKNKWSDPNAGGSMSLSRKIAAGLIAGGIGAAVGN  
 PADVAMVRMQADGRLPPAQRRNYSVLDAITRMVKNEGVTSLWRGSSLTVNRAMLVTASQLASYDEFK  
 EMILKGLMRDGLGTHVTASFAAGFVASVTSNPVDVIKTRVMNMKVEPGAEPYPYSGALDCAMKTVRAE  
 GPMALYKGFIPITIRQGPFTVVLVFTLEQVRKLLKNF

>Arachis\_ipoensis\_ucp5 (cDNA deduzido)

aaaacacattcacacacatcagatctgacctatcatatgtctcagagggccgcgctccccactcttc  
 ttccatagcctgtggcctccattcccatcttatgggtctctagtataatctccaactccaactgggtccc  
 aatagtcccaatttactctcctaattcattcttttcttaacatacactaaccccaattcatcaatt  
 ttgcaccacaacaacaacatcagggtgttaagggtttttagaaggaggcatagcttcaatcgttgc  
 aggtgttcaaccaccactcgacctcatcaagggtccgcgatgcagctccaaggcgagttcaatcca  
 cctccgtaccttccctccgaccgcactcgcttccaaaccggatcccgatccatccagctctacca  
 cctccgcaaatacccaacctcctcgcgtcggactcgtaaccgtcggcgtcaagctcgtccagcaaga  
 aggctcgcgctctcttttctgggtgtctccgccaccgctcctccgccagacactctactccaccactc  
 gtatggggctctatgacctcctcaagcagaaatgggtccgtcccttcccctgttcccggcggcgcacc  
 accatgcctctctcacgcaagatcgaggcagggtaaatcgccggcggcgtcggagccgccttggtaa  
 ccagctgacgtggccatgggtgaggatgcaggccgacgggagactccctccagctcagcggcgcgaact  
 acaagtccgtcgtggacgccataacgaaaatggcgaagcaagaaggcgttgcctccctgtggcgcggt  
 tcatcgcttacgggtgaaccgcgcgatgcttgttacggcttcgcagctggcgtcgtacgaccagttcaa  
 ggaagcgattcttgaaaaagggtttagatgcgcgatgggttagggactcacgtgacggcgagttttgcgg  
 cggggttcgttgcagctgttgcctcgaacctgttgacgtgattaagactagggtaatgaacatgagg  
 gtggagccaggggctgagcccgctacactggggctcttgattgtgctctgaagacgggtgcgtgcgga  
 ggggtcccatggcgtgtacaaggggttcatcctacgatatcgaggcagggctccttctactgttgttc  
 tgttcggttacgcttgaacaggttcgcaagctcttcaaggatttctgaaagactaccaagatgatca  
 tcatcattatgataatggcgaaaaataaaaatgttttgcgttttttggtttacttgtctcttgcggttt  
 caagattcctgatgttttgcctgtgggtgagtaatttttattattatgatttaattccatcaaatccaa  
 tatttctggaatcaactggcctacactttttaatttttaataataaaaatacaagacaaaatataaaaa

```
aaaatacaaatattatctttcaatgtgtgatccagtc aaattctttgcgatccatcaatttcaagaata  
caaagaaggtaggtaacaagtgggccaaaatctttttataagaaaattatagaagattttatggtttt  
aggtttgaagaattattgtgagcgtggaagtagcatagtcagttgtagagtgtggaacagaacacggt  
tattgtgagggtgtgaaaggtagcgtgatttgtgcttcaagatgctaactaaaagcgttggttaactgg  
ttttcttttgtattactctttatgtttggttaagttattccagcggccagctttaacaagcgaagcta  
ccaagttgaagccttgcaagctgtaggcattcctcat
```

>Arachis\_ipaensis\_ucp5 (proteína deduzida)

```
MGVKGFVEGGIASIVAGCSTHPLDLIKVRMQLQGESNPTSVPSLRPALAFQTGSRSIHVSPPPQITQP  
PRVGLVTVGVKLVQQEGLAALFSGVSATVLRQTLYSTTRMGLYDLLKQKWSVSPVPGGATTMPLSRK  
IEAGLIAGGVGA AVGNPADVAMVRMQADGRLPPAQRNYKSVVD AITKMAKQEGVASLWRGSSLTVNR  
AMLVTASQLASYDQFKEAILEKGLMRDGLGTHVTASFAAGFVA AVASNPVDVIKTRVMNMRVEPGAEP  
PYTGALDCALKTVRAEGPMALYKGF IPTISRQGPFTVVLFVTLEQVRKLFKDF
```



**Apêndice 02:** Alinhamento das pUCPs do tipo 1 e 2 de soja (*Glycine max*), bem como de outras leguminosas (*Cajanus cajan*, *Glycine soja*, *Phaseolus vulgaris*, *Medicago truncatula*, *Cicer arietinum*, *Lupinus angustifolius*, *Vigna angularis*, *Vigna radiata*, *Arachis duranensis* e *Arachis ipaensis*).

Legendas:

**Cinza** – assinatura específica da UCP

**Amarelo** – SPTE

**Turquesa** – Sequência de arabidopsis

**Rosa** – Aminoácidos variáveis

Sublinhados – motivo AAAA específico de monocotiledôneas

**Branco/preto** – Treonina e histidina conservadas

**Azul** - PNBD

	1° Segmento citosólico	1° Segmento α-hélice transm.	1° Segmento da matriz	
AdUCP1I	MVAD-GKSKPVISFAGTFTSSAFSACFAEVS	STIPLDTAQVRLQLQK	---QALGANALT--	54
AiUCP1a	MVAD-GKSKPAISFAGTFTSSAFSACFAEACTI	PLDTPVQVRLQLQK	---QALGAHVVT--	54
AdUCP1II	MVAD-GNSKPDISIAGTTFATSAFSACFAEACTI	PLDTAKVRLQLQK	---QALGANVVT--	54
GmUCP1a1	MVAD-SKSNLDFSGKIFASSAFSACFAEVCTI	PLDTAKVRLQLQK	---QAVAGDVVS--	54
GsUCP1a1	MVAD-SKSNLDFSGKIFASSAFSACFAEVCTI	PLDTAKVRLQLQK	---QAVAGDVVS--	54
GmUCP1a2	MVAD-SKSKSDLSFGKIFASSAFSACFAEVCTI	PLDTAKVRLQLQK	---QAATGDVVS--	54
GsUCP1a2	MVAD-SKSKSDLSFGKIFASSAFSACFAEVCTI	PLDTAKVRLQLQK	---QAATGDVVS--	54
VaUCP1a	MVAD-SKSKSDLSFGKIFVSSAFSACFAEVCTI	PLDTAKVRLQLQK	---QAAAGDVIS--	54
VrUCP1a	MVAD-SKSKSDLSFGKIFASSAFSACFAEVCTI	PLDTAKVRLQLQK	---QAAAGDIIS--	54
PvUCP1a	MVAD-SKSKSDLSFGKIFASSAFSACFAEVCTI	PLDTAKVRLQLQK	---QAATGDVIS--	54
CcUCP1a	MVAD-SKSKSDLSFGKIFASSAFSACFAEVCTI	PLDTAKVRLQLQK	---QAVAGDVVS--	54
MtUCP1a	MVAD---SKSNLDFSGKIFASSAFSACFAEVCTI	PLDTAKVRLQLQK	---QAVAGDVSS--	52
CaUCP1a	MVAADSNKSDISFAGIFASSAFSACFAEICTI	PLDTAKVRLQLQK	---QAVAGDVVS--	55
LaUCP1a	MVAD-SNSKSDISFAGIFASSAFSACFAEVTI	PLDTAKVRLQLQK	---KAVAGDAT--	53
GmUCP1b1	MVAG-GNSKSDISFAGTYASSAFAACFAEVCTI	PLDTAKVRLQLQK	---QAVVGDVVT--	54
GsUCP1b1	MVAG-GNSKSDISFAGTYASSAFAACFAEVCTI	PLDTAKVRLQLQK	---QAVVGDVVT--	54
GmUCP1b2	MVGG-GNSKSDISFAGTYASSAFAACFAEVCTI	PLDTAKVRLQLQK	---QAVLGDVVT--	54
GsUCP1b2	MVGG-GNSKSDISFAGTYASSAFAACFAEVCTI	PLDTAKVRLQLQK	---QAVLGDVVT--	54
CcUCP1b	MVGG-GNSKSDISFAGTFASSAFAACFAEVCTI	PLDTAKVRLQLQK	---QVIVGDVVT--	54
VaUCP1b	MVGG-GSSQSDISFAGTFASSAFAACFAEVCTI	PLDTAKVRLQLQK	---QPVIQDVIA--	54
VrUCP1b	MVGG-GSSKSDISFAGTFASSAFAACFAEVCTI	PLDTAKVRLQLQK	---QPVIQDVIA--	54
PvUCP1b	MVGG-GSSKSDISFAGTFASSAFAACFAEVCTI	PLDTAKVRLQLQK	---QAVVGDVVT--	54
AdUCP1b	MVAG-GNSKSDISFAGTFASSAFSACFAEVCTI	PLDTAKVRLQLQK	---QAVAGDAVT--	54
AiUCP1b	MVAG-GNSKSDISFAGTFASSAFSACFAEVCTI	PLDTAKVRLQLQK	---QAVAGDAVT--	54
MtUCP1b	MVGG-GNANSDISFVGTFFASSAFSACFAEICTI	PLDTAKVRLQLQK	---QAVAGDVTVS--	54
CaUCP1b	MVAG-GNSNSDISFAGTFASSAFSACFAEICTI	PLDTAKVRLQLQK	---QAVAGD-VS--	53
LaUCP1b	MVGG-GNSNSDISFAGTFAASAFSACFAEICTI	PLDTAKVRLQLQK	---QAVGDT--V--	52
AtUCP1	<b>MVAA--GKSDLSLPKTFACSAFAACVGEVCTI</b>	PLDTAKVRLQLQK	<b>---SALAGD-VT--</b>	51
SsUCP2	MPGD-HGSKVDISFAGRFTASAIACFAEICTI	PLDTAKVRLQLQK	KNVVAAAAGDAAPP	58
SsUCP1	-----MATASSSFTAIFSSAFAACFAEVCTI	PLDTAKVRLQLQR	---KTPLPAPAAA--	51
GmUCP2	--MSDPY---QISFAQAFFLCSAFAACFAEFTI	PLDTAKVRLQLQK	KVGG--IDDGVG--	50
GsUCP2	--MSDPY---QISFAQAFFLCSAFAACFAEFTI	PLDTAKVRLQLQK	KVGG--IDDGVG--	50
VaUCP2	--MSDPN---QISFAVDFLCSAFAACFAEFTI	PLDTAKVRLQLQK	KAG--VDDGVG--	50
VrUCP2	--MSDPN---QISFAVDFLCSAFAACFAEFTI	PLDTAKVRLQLQK	KVGG--VDDGVG--	50
PvUCP2	--MSDPN---QISFSIAFFCSAFAACFAEFTI	PLDTAKVRLQLQK	KVGG--VDTEVG--	50
CcUCP2	--MSDPN---QISFVQAFFLCSAFAACFAEFTI	PLDTAKVRLQLQR	KLGG--VDDEVG--	50
MtUCP2	MSISDPN---HITFAQSFFLCSAFAACFAEFTI	PLDTAKVRLQLQK	KG--VGDDGMG--	53
Caucp2	MSISDPN---HLSFTQSFFLCSAFAACFAEFTI	PLDTAKVRLQLQK	KGSGVIGDDAGNGI	57
AdUCP2	--MSDPNSASQISFAQAFFLCSAFAACFAEFTI	PLDTAKVRLQLQK	KVGG--IDEEVG--	53
AiUCP2	--MSDPNSASQISFAQAFFLCSAFAACFAEFTI	PLDTAKVRLQLQK	KVGG--IDEEVG--	53
LaUCP2	--MSDPNRPDITFAQAFFLCSAFAACFAEFTI	PLDTAKVRLQLQK	VA--AEDGAA--	53
AtUCP2	--MADFKPRIEISFLETFICSAFAACFAEICTI	PLDTAKVRLQLQR	---KIPTGDGEN--	53

:: : \*\*::\*\*.\* \*::\*\*\*.:\*\*\*\*\*:

	Cont. 1º Segmento da matriz	2º Segmento α-hélice transm.	2º Segmento citosólico	
AdUCP1I	---TPNYKGMGTVATIAREEGLAALWKGIVPGIHRQCLYGGRLRIGLYDPVKTLYVVGKDH			111
AiUCP1a	---TPKYKGMGTVATIAREEGLASLWKGIVPGLHRLQCLYGGRLRIGLYDPVKTLYVVGKDH			111
AdUCP1II	---TPKYKGMGTVATIAREEGLAALWKGIVPGLHRQCLYGGRLRIGLYDPVKTLYVVGKDH			111
GmUCP1a1	---LPKYKGLMGTVGTIAREEGLSALWKGIVPGLHRQCLYGGRLRIGLYEPVKTFYVVGKDH			111
GsUCP1a1	---LPKYKGLMGTVGTIAREEGLSALWKGIVPGLHRQCLYGGRLRIGLYEPVKTFYVVGKDH			111
GmUCP1a2	---LPKYKGLMGTVATIAREEGLSALWKGIVPGLHRQCLYGGRLRIGLYDPVKTFYVVGKDH			111
GsUCP1a2	---LPKYKGLMGTVATIAREEGLSALWKGIVPGLHRQCLYGGRLRIGLYDPVKTFYVVGKDH			111
VaUCP1a	---LPKYKGLMGTVGTIAREEGLSALWKGIVPGLHRQCLYGGRLRIGLYEPVKSLYVVGKDH			111
VrUCP1a	---LPKYKGLMGTVGTIAREEGLSALWKGIVPGLHRQCLYGGRLRIGLYEPVKSLYVVGKDH			111
PvUCP1a	---LPKYKGLMGTVGTIAREEGLSALWKGIVPGLHRQCLYGGRLRIGLYEPVKSLYVVGKDH			111
CcUCP1a	---LPKYKGLMGTVATIAREEGLSALWKGIVPGLHRQCLYGGRLRIGLYEPVKTFYVVGKDH			111
MtUCP1a	---LPKYKGLMGTVGTIAREEGLSALWKGIVPGLHRQCLYGGRLRIGLYEPVKTFYVVGSDH			109
CaUCP1a	---LPKYKGLMGTVGTIAREEGLSALWKGIVPGLHRQCLYGGRLRIGLYEPVKTFYVVGSDH			112
LaUCP1a	---LPKYKGMGTVATIAREEGISALWRGIVPGLHRQCLYGGRLRIGLYDPVKSLYVVGKDH			110
GmUCP1b1	---LPKYRGLLGTVGTIAREEGLSALWKGIVPGLHRQCLNGLRIALYEPVKNFYVVGPDH			111
GsUCP1b1	---LPKYRGLLGTIGTIAREEGLSALWKGIVPGLHRQCLNGLRIALYEPVKNFYVVGPDH			111
GmUCP1b2	---LPKYRGLLGTVGTIAREEGLSALWKGIVPGLHRQCLNGLRIALYEPVKNFYVVGADH			111
GsUCP1b2	---LPKYRGLLGTVGTIAREEGFSAWKGIVPGLHRQCLNGLRIALYEPVKNFYVVGADH			111
CcUCP1b	---LPKYRGLMGTVATIAREEGLAALWKGIVPGLHRQCLNGLRIALYEPVKNFYVVGADH			111
VaUCP1b	---LPKYRGLMGTVATIAREEGLSALWKGIVPGLRQCLVNGGLRIALYDPVKSFYVVGPDH			111
VrUCP1b	---LPKYRGLMGTVATIAREEGLSALWKGIVPGLRQCLVNGGLRIALYDPVKSFYVVGPDH			111
PvUCP1b	---LPKYRGLMGTVGTIAREEGLSALWKGIVPGLRQCLNGLRIALYEPVKNFYVVGPDH			111
AdUCP1b	---LPKYKGMGTVATIAREEGLSALWKGIVPGLHRQCLYGGRLRIGLYEPVKNFYVVGSDH			111
AiUCP1b	---LPKYKGMGTVATIAREEGLSALWKGIVPGLHRQCLYGGRLRIGLYEPVKNFYVVGSDH			111
MtUCP1b	---LPKYKGLMGTVGTIAREEGLSALWKGIVPGLHRQCLYGGRLRIGLYEPVKNFYVVGKDH			111
CaUCP1b	---LPKYKGLMGTVGTIAREEGLSALWKGIVPGLHRQCLYGGRLRIGLYEPVKNFYVVGSDH			110
LaUCP1b	---LPKYKGLMGTVGTIAREEGLSALWKGIVPGLHRQCLYGGRLRIGLYEPVKNFYVVGSDH			109
AtUCP1	---LPKYRGLLGTVGTIAREEGLRSLWKGIVPGLHRQCLFVGGRLRIGLYEPVKNFYVVGKDF			108
SsUCP2	---LPKYRGLLGTAAATIAREEGAAALWKGIVPGLHRQCLYGGRLRIGLYEPVKSFYVVGKDH			115
SsUCP1	---AAAGGMLATIMCIAREEGVAALWKGIVPGLHRQCLYGGRLRIGLYEPVKAFFVGGAA			108
GmUCP2	---LPKYKGLLGTVKTIAAREEGISALWKGIVPGLHRQCLYGGRLRIGLYDPVKTFVLVGSFAF			107
GsUCP2	---LPKYKGLLGTVKTIAAREEGISALWKGIVPGLHRQCLYGGRLRIGLYDPVKTFVLVGSFAF			107
VaUCP2	---LPKYKGLMSTIKTIAREEGISALWKGIVPGLHRQCLYGGRLRIGLYDPVKTFVLVGSFAF			107
VrUCP2	---LPKYKGLMSTIKTIAREEGVSAWKGIVPGLHRQCLYGGRLRIGLYDPVKTFVLVGSFAF			107
PvUCP2	---LPKYKGLLGTVKTIAAREEGISALWKGIVPGLHRQCLYGGRLRIGLYDPVKTFVLVGSFAF			107
CcUCP2	---LPKYKGLLGTVKTIAAREEGISALWKGIVPGLHRQCLYGGRLRIGLYDPVKTFVLVGSFAF			107
MtUCP2	---LPKYKGLLGTVKTIAAREEGVSSLWKGIVPGLHRQCLYGGRLRIGLYDPVKTFVLVGAFAF			110
Caucp2	GIASPKYKGLLGTVKTIAAREEGVFAWKGIVPGLHRQCLYGGRLRIGLYDPVKIFVLVGTAF			117
AdUCP2	---LPKYKGLLGTMTKTIAREEGISALWKGIVPGLHRQCLVYGGRLRIGLYDPVKTFVLVGSFAF			110
AiUCP2	---LPKYKGLLGTMTKTIAREEGISALWKGIVPGLHRQCLVYGGRLRIGLYDPVKTFVLVGSFAF			110
LaUCP2	---SPKYKGLLGTIKTIAREEGISALWKGIVPGLHRQCLVYGGRLRIGLYDPVKTFVLVGSFAF			110
AtUCP2	---LPKYRGSIGTLATIAREEGISGLWKGIVPGLHRQCLYGGRLRIGLYEPVKTLVLVGSDF			110

. \* : . \*    \* \* \* : \* \*    . \* \* : . \* : : \* :    \* \* \* \* \* : . \* : \* \* \* : . \*

	Continuação	3° Segmento α-hélice transm.	2° Segmento da matriz	
AdUCP1I	VGDVRLRKKILVALTTGDVAIAVANPTD	IVLQAE	EGLKPPGVPRRYSGSLNAYSTIVK	171
AiUCP1a	VGDVPLPKKFLAALTTGVVAIAVANPTD	LVKVRQAE	EGLKPPGVPRRYSGSLNAYSTIVK	171
AdUCP1II	VGDVPLPKKILAAALTTGAVAIIVANPTD	LVKVRQAE	EGLKPPGVPRRYSGSLNAYSTIVK	171
GmUCP1a1	VGDVPLSKKILAAFTTGAFVAIAVANPTD	LVKVRQAE	EGLKPPGVPRRYSGSLNAYSTIVR	171
GsUCP1a1	VGDVPLSKKILAAFTTGAFVAIAVANPTD	LVKVRQAE	EGLKPPGVPRRYSGSLNAYSTIVR	171
GmUCP1a2	VGDVPLSKKILAAFTTGAFVAIAVANPTD	LVKVRQAE	EGLKPPGVPRRYSGSLNAYSTIVR	171
GsUCP1a2	VGDVPLSKKILAAFTTGAFVAIAVANPTD	LVKVRQAE	EGLKPPGVPRRYSGSLNAYSTIVR	171
VaUCP1a	VGDVPLSKKILAGFTTGAVAIIVANPTD	LVKVRQAE	EGLKPPGVPRRYSGSLNAYSTIVR	171
VrUCP1a	VGDVPLSKKILAGFTTGAVAIIVANPTD	LVKVRQAE	EGLKPPGVPRRYSGSLNAYSTIVR	171
PvUCP1a	VGDVPLSKKILAAFTTGAVGIAIVANPTD	LVKVRQAE	EGLKPPGVPRRYSGSLNAYSTIVR	171
CcUCP1a	VGDVPLSKKILAAFTTGAVAIIVANPTD	LVKVRQAE	EGLKPPGVPRRYSGSLNAYSTIVR	171
MtUCP1a	VGDVPLSKKILAAFTTGAVAIMVANPTD	LVKVRQAE	EGLKPPGVPRRYSGSLNAYSSIVR	169
CaUCP1a	VGDVPLSKKILAGFTTGAVAIIVANPTD	LVKVRQAE	EGLKPPGVPRRYSGSLNAYSTIVR	172
LaUCP1a	VGDVSLSKKILAAFTTGAVAITIANPTD	LVKVRQTE	EGLKPPGVPRRYSGSLNAYSTIVR	170
GmUCP1b1	VGDVPLFKKILAGFTTGAMAIIVANPTD	LVKVRQAE	EGLKPPGVPRRYSGSLNAYSTIVR	171
GsUCP1b1	VGDVPLFKKILAGFTTGAMAIIVANPTD	LVKVRQAE	EGLKPPGVPRRYSGSLNAYSTIVR	171
GmUCP1b2	VGDVPLSKKILAGFTTGAMAIIVANPTD	LVKVRQAE	EGLKPPGVPRRYSGSLNAYSTIVR	171
GsUCP1b2	VGDVPLSKKILAGFTTGAMAIIVANPTD	LVKVRQAE	EGLKPPGVPRRYSGSLNAYSTIMR	171
CcUCP1b	VGDVPLYKKILAGFTTGAIASIVANPTD	LVKVRQAE	EGLKPPGVPRRYSGSLNAYSTIVR	171
VaUCP1b	VGDVPLSKKILAGFTTGAMAIIVANPTD	LVKVRQSE	EGLKPPGVPRRYSGSLNAYSTIVR	171
VrUCP1b	VGDVPLSKKILAGFTTGAMAIIVANPTD	LVKVRQSE	EGLKPPGVPRRYSGSLNAYSTIVR	171
PvUCP1b	VGDVPLFKKILAGFTTGAMAIIVANPTD	LVKVRQSE	EGLKPPGVPRRYSGSLNAYSTIVR	171
AdUCP1b	VGDVPLLQKILAAFTTGAVAIIVANPTD	LVKVRQAE	EGLKPPGVPRRYSGSLNAYSTIVR	171
AiUCP1b	VGDVPLLQKILAAFTTGAVAIIVANPTD	LVKVRQAE	EGLKPPGVPRRYSGSLNAYSTIVR	171
MtUCP1b	VGDAPLTKKILAAALTTGAVAIIVANPTD	LVKVRQAE	EGLKPPGVPRRYSGSLNAYSTIMR	171
CaUCP1b	VGDAPLTKKILAAALTTGAVAIIVANPTD	LVKVRQAE	EGLKPPGVPRRYSGSLNAYSTIVK	170
LaUCP1b	VGDVPLSKKILAAALTTGAVGIAIVANPTD	LVKVRQAE	EGLKPPGVPRRYSGSLNAYSTIIR	169
AtUCP1	VGDVPLSKKILAGLTTGALGIMVANPTD	LVKVRQAE	EGLKLAAGAPRRYSGALNAYSTIVR	168
SsUCP2	VGDVPLSKKILAAFTTGAIASIANPTD	LVKVRQAE	EGLKPPGVPRRYSGALNAYSTIVR	175
SsUCP1	VGDVSLSKKILAAALTTGVIAIVVANPTD	LVKVRQAE	EGLKANT-VKRSYSGALNAYATIIR	167
GmUCP2	VGEVPLYHMLAALLTGALAITIANPTD	LVKVRQAE	EGLPPTGVPRRYSGALDAYLTILR	167
GsUCP2	VGEVPLYHMLAALLTGALAITIANPTD	LVKVRQAE	EGLPPTGVPRRYSGALDAYLTILR	167
VaUCP2	VGEVPLYHMLAALLTGALAITIANPTD	LVKVRQSE	EGLHPSGVPRRYSGALDAYLTILR	167
VrUCP2	VGEVPLYHMLAALLTGALAITIANPTD	LVKVRQSE	EGLHPSGVPRRYSGALDAYLTILK	167
PvUCP2	VGEVPLYHMLAALLTGALAITIANPTD	LVKVRQSE	EGLPPTGVPRRYSGALDAYLTILR	167
CcUCP2	VGEVPLYHMLAALLTGALAIMVANPTD	LVKVRQAE	EGLPPTGVPRRYSGALDAYITISR	167
MtUCP2	VGEVPLYHMLAALLTGALAITIANPTD	LVKVRQSE	EGLPPTGVPRRYSGALDAYSTILR	170
Caucp2	VGEVPLFHMILAAALTTGALAITIANPTD	LVKVRQAE	EGLPPTGVPRRYSGALDAYSTILR	177
AdUCP2	VGEVPLYHMLAALLTGALAITVANPTD	LVKVRQAE	EGLPPTGVPRRYSGALDAYSTIVR	170
AiUCP2	VGEVPLYHMLAALLTGALAITVANPTD	LVKVRQAE	EGLPPTGVPRRYSGALDAYSTIVR	170
LaUCP2	VGEVPLYHMLAALVTGALAITIANPTD	LVKVRQAE	EGLPPTGVPRRYSGALDAYSTIAR	170
AtUCP2	IGDIPLYQKILAAALTTGAIIVANPTD	LVKVRQSE	EGLKPPGVPRRYSGALDAYFTIVK	170

:\*: : . .: \*\* .\* :\*\*\*\*\*:\*\*\*\*\*:\*. . . : \*:::\*\*\* . \*

	Continuação	4° Segmento α-hélice transm.	3° Segmento citosólico	5° Segmento α-hélice transm.																				
AdUCP1I	QEGIAALW	TGLGPNIA	RNAIINAAE	LASNDQVKQ	TILKLPGFSDNVV	THLLSGLGGG	CFA	231																
AiUCP1a	QFMII	SVWVTGLG	PNIARNAI	INAAE	LASYDQVKQ	TILKLPGFSDNVV	THLLSGLGAG	FFA	231															
AdUCP1II	QEGIAALW	TGLGPNIA	RNAIINAAE	LASYDQVKQ	TILKLPGFSDNVV	THLLSGLGAG	FFA	231																
GmUCP1a1	QEGVGALW	TGLGPNIA	RNGIINAAE	LASYDQVKQ	TILKIPGFSDNVV	THLLAGLGAG	FFA	231																
GsUCP1a1	QEGVGALW	TGLGPNIA	RNGIINAAE	LASYDQVKQ	TILKIPGFSDNVV	THLLAGLGAG	FFA	231																
GmUCP1a2	QEGVGALW	TGLGPNIA	RNGIINAAE	LASYDQVKQ	TILKIPGFSDNVV	THLLAGLGAG	FFA	231																
GsUCP1a2	QEGVGALW	TGLGPNIA	RNGIINAAE	LASYDQVKQ	TILKIPGFSDNVV	THLLAGLGAG	FFA	231																
VaUCP1a	QEGVGALW	TGLGPNIA	RNGIINAAE	LASYDQVKQ	TILKIPGFSDNVV	THLLAGLGAG	FFA	231																
VrUCP1a	QEGVGALW	TGLGPNIA	RNGIINAAE	LASYDQVKQ	TILKIPGFSDNVV	THLLAGLGAG	FFA	231																
PvUCP1a	QEGVGALW	TGLGPNIA	RNGIINAAE	LASYDQVKQ	TILKIPGFSDNVV	THLLAGLGAG	FFA	231																
CcUCP1a	QEGVRALW	TGLGPNIA	RNAIINAAE	LASYDQVKQ	TILKIPGFSDNVV	THLLAGLGAG	FFA	231																
MtUCP1a	QEGVRALW	TGLGPNIA	RNGIINAAE	LASYDQVKQ	TILKIPGFSDNVV	THLFAGLGAG	FFA	229																
CaUCP1a	QEGVGALW	TGLGPNIA	RNGIINAAE	LASYDQVKQ	TILKIPGFSDNVV	THLLSGLGAG	FFA	232																
LaUCP1a	QEGVGALW	TGLGPNIA	RNGIINAAE	LASYDQVKQ	TILKIPGFSDNVV	THLLSGLGAG	FFA	230																
GmUCP1b1	QEGVGALW	TGLGPNIA	RNGIINAAE	LASYDQVKQ	TILKIPGFSDNVV	THLLAGLGAG	FFA	231																
GsUCP1b1	QEGVGALW	TGLGPNIA	RNGIINAAE	LASYDQVKQ	TILKIPGFSDNVV	THLLAGLGAG	FFA	231																
GmUCP1b2	QEGVGALW	TGLGPNIA	RNGIINAAE	LASYDQVKQ	TILKIPGFSDNVV	THLLAGLGAG	FFA	231																
GsUCP1b2	QEGVGALW	TGLGPNIA	RNGIINAAE	LASYDQVKQ	TILKIPGFSDNVV	THLLAGLGAG	FFA	231																
CcUCP1b	QEGVGALW	TGLGPNIA	RNGIINAAE	LASYDQVKQ	TILKIPGFSDNVV	THLLAGLGAG	FFA	231																
VaUCP1b	QEGVGALW	TGLGPNIA	RNGIINAAE	LASYDQVKQ	TILKIPGFSDNVV	THLLAGLGAG	FFA	231																
VrUCP1b	QEGVGALW	TGLGPNIA	RNGIINAAE	LASYDQVKQ	TILKIPGFSDNVV	THLLAGLGAG	FFA	231																
PvUCP1b	QEGVGALW	TGLGPNIA	RNGIINAAE	LASYDQVKQ	TILKIPGFSDNVV	THLLAGLGAG	FFA	231																
AdUCP1b	QEGVGALW	TGLGPNIA	RNAIINAAE	LASYDQVKQ	TILKIPGFSDNVV	THLLAGLGAG	FFA	231																
AiUCP1b	QEGVGALW	TGLGPNIA	RNAIINAAE	LASYDQVKQ	TILKIPGFSDNVV	THLLAGLGAG	FFA	231																
MtUCP1b	QEGIGALW	TGLGPNIA	RNAIINAAE	LASYDQVKQ	TILKIPGFSDNVV	THLLSGLGAG	FFA	231																
CaUCP1b	QEGIGALW	TGLGPNIA	RNAIINAAE	LASYDQVKQ	TILKIPGFSDNVV	THLLSGLGAG	FFA	230																
LaUCP1b	QEGVSALW	TGLGPNIA	RNAIINAAE	LASYDQVKQ	TILKIPGFSDNVV	THLLSGLGAG	FFA	229																
AtUCP1	QEGVRALW	TGLGPNIA	RNAIINAAE	LASYDQVKQ	TILKIPGFSDNVV	THLLSGLGAG	FFA	228																
SsUCP2	QEGIAALW	TALGPNIA	RNAIINAAE	LASYDQVKQ	TILKLPGFSDNVV	THLFAGLGAG	FFA	235																
SsUCP1	QEGIGALW	TGLGPNIA	RNAIINAAE	LASYDQVKQ	TILKLPGFSDNVV	THLLAGLGAG	FFA	227																
GmUCP2	QEGIGALW	TGLGANIA	RNAIINAAE	LASYDKVKR	TILKIPGFSDNVV	THLLAGLGAG	LFA	227																
GsUCP2	QEGIGALW	TGLGANIA	RNAIINAAE	LASYDKVKR	TILKIPGFSDNVV	THLLAGLGAG	LFA	227																
VaUCP2	QEGIGALW	TGLGPNIA	RNAIINAAE	LASYDKVKR	TILKIPGFSDNVV	THLLAGLGAG	LFA	227																
VrUCP2	QEGIGALW	TGLGPNIA	RNAIINAAE	LASYDKVKR	TILKIPGFSDNVV	THLLAGLGAG	LFA	227																
PvUCP2	QEGIGALW	TGLGPNIA	RNAIINAAE	LASYDQVKR	TILKIPGFSDNVV	THLLAGLGAG	LFA	227																
CcUCP2	QEGIGALW	TGLGPNIA	RNAIINAAE	LASYDQVKR	TILKIPGFSDNVV	THLLAGLGAG	LFA	227																
MtUCP2	QEGIGALW	TGLGPNIA	RNAIINAAE	LASYDQVKR	TILKIPGFSDNVV	THLLAGLGAG	LFA	230																
Caucp2	QEGIGALW	TGLGPNIA	RNAIINAAE	LASYDQVKQ	TILKIPGFSDNVV	THLLAGSAG	LFA	237																
AdUCP2	QEGIGALW	TGLGPNIA	RNAIINAAE	LASYDQVKM	TILKIPGFSDNVV	THLLAGLGAG	LFA	230																
AiUCP2	QEGIGALW	TGLGPNIA	RNAIINAAE	LASYDQVKM	TILKIPGFSDNVV	THLLAGLGAG	LFA	230																
LaUCP2	QEGIGALW	TGLGPNIA	RNAIINAAE	LASYDQVKQ	TILKIPGFSDNVV	THLLAGLGAG	LFA	230																
AtUCP2	LEGVSALW	TGLGPNIA	RNAIINAAE	LASYDQIKET	IMKIPFFRDSV	THLLAGLAAG	FFA	230																
	:	::	***	.*	::	***	.*	*****	*..*	::	.*	*..*	*****	..*	::	.*	*..*	*****	..*	::	.*	*..*	*****	..*

	Continuação	3º Segmento da matriz	6º Segmento α-hélice transm.	
AdUCP1I	VCIGSPVDVVKSRMMGDS-	SFKSTLDCFLKTLKNDGPF	FYIVFIPNFGRLGSWNVIMFL	290
AiUCP1a	VCIGSPVDVVKSRMMGDS-	SYKSTLDCFLKTLKNDGPF	FYKGFIPNFRLGSWNVIMFL	290
AdUCP1II	VCIGSPVDVVKSRMMGDS-	SYKSTLDCFLKTLKNDGPF	FYKGFIPNFGRLGSWNVIMFL	290
GmUCP1a1	VCIGSPVDVVKSRMMGDS-	SYKNTLDCFIKTLKNDGPLA	FYKGFIPNFGRLGSWNVIMFL	290
GsUCP1a1	VCIGSPVDVVKSRMMGDS-	SYKNTLDCFIKTLKNDGPLA	FYKGFIPNFGRLGSWNVIMFL	290
GmUCP1a2	VCIGSPVDVVKSRMMGDS-	SYRNTLDCFIKTLKNDGPLA	FYKGFIPNFGRLGSWNVIMFL	290
GsUCP1a2	VCIGSPVDVVKSRMMGDS-	SYRNTLDCFIKTLKNDGPLA	FYKGFIPNFGRLGSWNVIMFL	290
VaUCP1a	VCIGSPVDVVKSRMMGDS-	SYKNTLDCFIKTLKNDGPLA	FYKGFIPNFGRLGSWNVIMFL	290
VrUCP1a	VCIGSPVDVVKSRMMGDS-	SYKNTLDCFIKTLKNDGPM	FYKGFIPNFGRLGSWNVIMFL	290
PvUCP1a	VCIGSPVDVVKSRMMGDS-	SYKNTLDCFIKTLKNDGPM	FYKGFIPNFGRLGSWNVIMFL	290
CcUCP1a	VCIGSPVDVVKSRMMGDS-	SYKSTLDCFIKTLKNDGPF	FYKGFIPNFGRLGSWNVIMFL	290
MtUCP1a	VCIGSPVDVVKSRMMGDS-	SYKSTLDCFVKTLKNDGPLA	FYKGFIPNFGRLGSWNVIMFL	288
CaUCP1a	VCIGSPVDVVKSRMMGDS-	SYKSTLDCFVKTLKNDGPLA	FYKGFIPNFGRLGSWNVIMFL	291
LaUCP1a	VCIGSPVDVVKSRMMGDS-	SYKSTLDCFVKTLKNDGPA	FYKGFIPNFGRLGSWNVIMFL	289
GmUCP1b1	VCVGSPVDVVKSRMMGDS-	SYKSTLDCFVKTLKNDGPF	FYKGFIPNFGRLGSWNVIMFL	290
GmUCP1b1	VCVGSPVDVVKSRMMGDS-	SYKSTLDCFVKTLKNDGPF	FYKGFIPNFGRLGSWNVIMFL	290
GmUCP1b2	VCAGSPVDVVKSRMMGDS-	SYKSTLDCFIKTLKNDGPF	FYMGFIPNFGRLGSWNVIMFL	290
GsUCP1b2	VCAGSPVDVVKSRMMGDS-	SYKSTLDCFIKTLKNDGPF	FYMGFIPNFGRLGSWNVIMFL	290
CcUCP1b	VCVGSPVDVVKSRMMGDS-	SYKSTLDCFVKTLKNDGPF	FYKGFIPNFGRLGSWNVIMFL	290
VaUCP1b	VCVGSPVDVVKSRMMGDS-	SYKSTLDCFIKTLKNDGPF	SFYKGFIPNFGRLGSWNVIMFL	290
VrUCP1b	VCVGSPVDVVKSRMMGDS-	SYKSTIDCFIKTLKNDGPF	FYKGFIPNFGRLGSWNVIMFL	290
PvUCP1b	VCVGSPVDVVKSRMMGDS-	SYKSTLDCFIKTLKNDGPF	FYKGFIPNFGRLGSWNVIMFL	290
AdUCP1b	VCIGSPVDVVKSRMMGDS-	SYKSTLDCFIKTLKNDGPA	FYKGFIPNFGRLGSWNVIMFL	290
AiUCP1b	VCIGSPVDVVKSRMMGDS-	SYKSTLDCFIKTLKNDGPA	FYKGFIPNFGRLGSWNVIMFL	290
MtUCP1b	VCIGSPVDVVKSRMMGDS-	SYKSTIDCFVKTLKNDGPLA	FYKGFIPNFGRLGSWNVIMFL	290
CaUCP1b	VCIGSPVDVVKSRMMGDP-	SYKNTLDCFVKTLKNDGPLA	FYKGFIPNFGRLGSWNVIMFL	289
LaUCP1b	VCIGSPVDVVKLSMMGDP-	SYKSTLDCFVKTLKNDGIL	FYKGFIPNFGRLGSWNVIMFL	288
AtUCP1	VCIGSPVDVVKSRMMGDS-	SGAYKGTIDCFVKTLKSDG	PMAFYKGFIPNFGRLGSWNVIMFL	288
SsUCP2	VCVGSPVDVVKSRMMGDS-	AYKSTLDCFVKTLKNDGPLA	FYKGFIPNFARLGSWNVIMFL	294
SsUCP1	VCIGSPVDVVKSRMMGDS-	TYRSTLDCFAKTLKNDGPG	FAYKGFIPNFARLGSWNVIMFL	286
GmUCP2	VFIGSPVDVVKSRMMGDS-	TYKSTFECFLKTLNNEGFLA	FYKGFIPNFSRVGAWNVIMFL	286
GsUCP2	VFIGSPVDVVKSRMMGDS-	TYKSTFECFLKTLNNEGFLA	FYKGFIPNFSRVGAWNVIMFL	286
VaUCP2	VFIGSPVDVVKSRMMGDS-	TYKSTFDCFLKTLNNEGFLA	FYKGFIPNFSRVGAWNVIMFL	286
VrUCP2	VFIGSPVDVVKSRMMGDS-	TYKNTFDCFLKTLNNEGFLA	FYKGFIPNFSRVGAWNVIMFL	286
PvUCP2	VFIGSPVDVVKSRMMGDS-	TYKSTFDCFVKTLNNEGFLA	FYKGFIPNFSRVGAWNVIMFL	286
CcUCP2	VFIGSPVDVVKSRMMGDS-	TYKSTFDCFLKTLNNEGFTA	FYKGFIPNFSRVGAWNVIMFL	286
MtUCP2	VFIGSPVDVVKSRMMGDS-	SYKNTFDCFLKTLFNEGFLA	FYKGFIPNFSRVGAWNVIMFL	289
Caucp2	VFIGSPVDVVKSRMMGDS-	SYKNTFDCFLKTLFNEGFFA	FYKGFIPNFSRVGAWNVIMFL	296
AdUCP2	VFIGSPVDVVKSRMMGDS-	TYKSTFDCFLKTSFNEGFLA	FYKGFIPNFSRVGAWNVIMFL	289
AiUCP2	VFIGSPVDVVKSRMMGDS-	TYKSTFDCFLKTSFNEGFLA	FYNGFIPNFSRVGAWNVIMFL	289
LaUCP2	VFIGSPVDVVKSRMMGDS-	SYKSTLDCFFKTSFNEGFLA	FYKGFIPNFSRVGAWNVIMFL	289
AtUCP2	VCIGSPVDVVKSRMMGDS-	TYRNTVDCFIKTMKTEGIM	FAYKGFIPNFTRIGTWNAMFL	289

\* \*\*:\*:\*\*\* \*\*\*. :.:\*.:\*\* \*\* .:\* :\*\* \*.:\*\* \*:\* \*\*.:\*\*\*

## Cont. 4º Segmento citosólico

AdUCP1I	TLEQTKKIVGRLEST---	305
AiUCP1a	TLEQTKKIVGRLEST---	305
AdUCP1II	TLEQTKKIVGRLEST---	305
GmUCP1a1	TLEQTKKFVKSLESS---	305
GsUCP1a1	TLEQTKKFVKSLESS---	305
GmUCP1a2	TLEQTKRFVKSLELS---	305
GsUCP1a2	TLEQTKRFVKSLELS---	305
VaUCP1a	TLEQTKNFVKSLESS---	305
VrUCP1a	TLEQTKNFVKSLESS---	305
PvUCP1a	TLEQTKKFKKNLESP---	305
CcUCP1a	TLEQTKKFVKSLESS---	305
MtUCP1a	TLEQAKKFAKSLQSS---	303
CaUCP1a	TLEQTKKFVKSLSSS---	306
LaUCP1a	TLEQTKKFVKGLESS---	304
GmUCP1b1	TLEQAKKFVKTLESA---	305
GsUCP1b1	TLEQAKKFVKTLESA---	305
GmUCP1b2	TLEQAKKFVKSLESA---	305
GsUCP1b2	TLEQAKKFVKSLESA---	305
CcUCP1b	TLEQAKKFVKSLESA---	305
VaUCP1b	TLEQAKMYVKRLESA---	305
VrUCP1b	TLEQAKKYVKRLESA---	305
PvUCP1b	TLEQAKKYVKRLESA---	305
AdUCP1b	TLEQTKKFVKSLESA---	305
AiUCP1b	TLEQTKKFVKSLESA---	305
MtUCP1b	TLEQTKKFVKKLESA---	305
CaUCP1b	TLEQTKKFVKSLESA---	304
LaUCP1b	TLEQTKKFVKGLESA---	303
AtUCP1	TLEQAKKYVRELDASKRN	306
SsUCP2	TLEQVQKLFVRKPAS---	309
SsUCP1	TLEQVRRFFL-----	296
GmUCP2	TLEQAKRVIRG-----	297
GsUCP2	TLEQAKRVIRG-----	297
VaUCP2	TLEQAKRFLRG-----	297
VrUCP2	TLEQAKRFLRG-----	297
PvUCP2	TLEQAKRVLRG-----	297
CcUCP2	TLEQVKRVFRG-----	297
MtUCP2	TLEQAKRVFRG-----	300
Caucp2	TLEQAKNVFRG-----	307
AdUCP2	TLEQAKRFFSG-----	300
AiUCP2	TLEQAKRFFSG-----	300
LaUCP2	TLEQAKRVLRG-----	300
AtUCP2	TLEQVKKVFLREVLYD--	305

\*:\*:\*:

**Apêndice 03:** Alinhamento das pUCPs do tipo 3 de soja (*Glycine max*), bem como de outras leguminosas (*Cajanus cajan*, *Glycine soja*, *Phaseolus vulgaris*, *Medicago truncatula*, *Cicer arietinum*, *Lupinus angustifolius*, *Vigna angularis*, *Vigna radiata*, *Arachis duranensis* e *Arachis ipaensis*).

**Cinza** – assinatura específica da UCP

**Amarelo** – SPTE

**Turquesa** – Sequência de arabidopsis

**Rosa** – Aminoácidos variáveis

**Branco/preto** – Alanina e histidina conservadas

**Azul** - PNBD

	1º Segmento citosólico	1º Segmento α-hélice transm.	1º Segmento da matriz	
GmUCP3	MKSGYQHGGVDITHTKAF	LTSLSAMVAETTTFFP	IDLKTRLQLHG-ESLSSSHPTS	SAFRV 59
GsUCP3	MKSGYQHGGVDITHTKAF	LTSLSAMVAETTTFFP	IDLKTRLQLHG-ESLSSSHPTS	SAFRV 59
CcUCP3	--MGYQHGGVDTAHTKV	VFLTSLSAMVAETITTF	PIDLKTRLQLHG-ESLSSSRP	TSAFRV 57
VaUCP3	MKSGHEHGGVDTAQTK	ILLTSFSAMVAETTTFF	PIDLKTRLQLHG-ESLSSSRP	TRAYRV 59
VrUCP3	MKSGHEHGGVDTAQTK	VLLTSFSAMVAETTTFF	PIDLKTRLQLHG-ESLSSSRP	SAYRV 59
PvUCP3	MKPGHQNVGVDSAQTK	VLVTSFSAMVAETTTFF	VDLKTRLQLHG-ESLSSSP	PASAFRV 59
LaUCP3	MKSGYQHGGVDNAHTK	VLLTSMAMVAETTTFF	VDLKTRLQLHG-ESLSSSTR	STSAFRI 59
MtUCP3	MKSGNQ---VDNHTK	ILLTSLSAMVAETTTFF	PIDLKTRLQLHG-ESLSSSTR	PFGAFQI 56
CaUCP3	MKSGHQGGVDTTHTK	ILITSLSAMVAETTTFF	PIDLKTRLQLHG-ESISSSR	STGAFRI 59
AdUCP3	MKSGHQGGGDNNAHTK	ILLTSLSAMVAETTTFF	PIDLKTRLQLHG-ESLSSSR	PFGAVRI 59
AiUCP3	MKSGHQGGGDNNAHTK	ILLTSLSAMVAETTTFF	PIDLKTRLQLHG-ESLSSSR	PFGAVRI 59
AtUCP3	<b>MERSRVTREAPTGTRILLASL</b>	SAMVAESVTFP	IDLKTRMQLHG <b>SGGSASGAHRIGAFGV</b>	59
SsUCP3	-----	MAEASTVPLDAVKTRLQL	LRH---NPGSSGGRGVVRV	33
		::*: *::* *::* *::* *::*	::*::*::* *::*::*::*	::*::*
	Continuação	2º Segmento α-hélice transm.	2º Segmento citosólico	
GmUCP3	GLGIIREQGALGLYSGLS	PAIRHMFYSP	IRIVGYENLRNVVS---VDNASFS	IIVGKAV 115
GsUCP3	GLGIIREQGALGLYSGLS	PAIRHMFYSP	IRIVGYENLRNVVS---VDNASFS	IIVGKAV 115
CcUCP3	GMGIVSEQGALGLYRGL	SPAIRHLFYTP	IRIVGYEHLRSVIF---VDNASI	IIVGKAI 113
VaUCP3	GLGIVREQGVVGLYSGLS	PAIRHLFYTP	IRIVGYEHLRSVVS---ADNGSFS	IIVGKAV 115
VrUCP3	GLGIVREQGVVGLYSGLS	PAIRHLFYTP	IRIVGYEHLRSVVS---ADNGSFS	IIVGKAV 115
PvUCP3	GLGIVREQGVVGLYSGLS	PAIRHLFYTP	IRIVGYEHLRSVVS---ADNGSFS	IIVGKAV 115
LaUCP3	ALDIIREQGPLGLYKGL	SPAIRHLFYTP	IRIVGYEHLRTVVS---SDNGSI	SIIISKAV 115
MtUCP3	GLDIIRQQGPLCLYKGL	SPAIRHLFYTP	IRIVGYEHLRSVIS---SDNGSP	SIIGKAV 112
CaUCP3	GLDIIRKQSPPLGLYKGL	SPAIRHLFYTP	IRIVGYEHMRSVAS---ADNGSL	SIIIGKAV 115
AdUCP3	AAEIIREQGPLGLYKGW	SPAIRHLFYTP	IRIVGYEHMRSVVS---ADNASL	SIFSKAL 115
AiUCP3	AAEIIREQGPLGLYKGW	SPAIRHLFYTP	IRIVGYEHMRSVVS---ADNASL	SIFSKAL 115
AtUCP3	<b>VSEIARKEGVIGLYKGL</b>	<b>SPAIRHLFYTP</b>	<b>IRIIGYENLKGLIVRSETN</b>	<b>NSESLPLATKAL</b> 119
SsUCP3	AAELVRDGG---VYRGF	SPAVLRHLMYTP	LRIVGYEHLRSTLA---SEGRE	VGLFEKAI 86
	::*::*	::*::*::*::*::*::*::*::*::*::*	::*::*::*::*::*::*::*::*::*::*	::*::*
	3º Segmento α-hélice transm.	2º Segmento da matriz	4º Seg. α-hélice	
GmUCP3	VGGISGVLAQVIAS	<b>PADLVKVRMQAD</b>	GQRVSQGLQPRYSGPFDALNK	IVRAEGFQGLWKG 175
GsUCP3	VGGISGVLAQVIAS	<b>PADLVKVRMQAD</b>	GQRVSQGLQPRYSGPFDALNK	IVRAEGFQGLWKG 175
CcUCP3	VGGISGVVAQVIAS	<b>PADLVKVRMQAD</b>	GQRVSQGLQPRYLGPFDALNK	IVQAEGFQGLWKG 173
VaUCP3	VGGTSGVMAQIIAS	<b>PADLVKVRMQAD</b>	GHRVNQGLQPRYSGPFDALNK	IVRAEGFRGLWKG 175
VrUCP3	VGGTSGVMAQIIAS	<b>PADLVKVRMQAD</b>	GHRVNQGLQPRYSGPFDALNK	IVRAEGFRGLWKG 175
PvUCP3	VGGASGVVAQIIAS	<b>PADLVKVRMQAD</b>	GQRMNQGHQPRYSGPFDALNK	IVRAEGFRGLWKG 175
LaUCP3	VGGTSGCIAQIIAS	<b>PADLVKVRMQAD</b>	GRLMSQGLQPRYSGPFDAFSK	IVQAEGFRGLWKG 175
MtUCP3	VGGISGSMAQVIAS	<b>PADLVKVRMQAD</b>	SQMRRKGLQPRYSGPIDAFNK	IIKAEGFQGLWKG 172
CaUCP3	VGGISGSMAQVIAS	<b>PADLVKVRMQAD</b>	SQMMSQGLQPRYSGPFDALNK	IVQAEGFQGLWKG 175
AdUCP3	VGGISGCMAQVVAS	<b>PADLVKVRMQAD</b>	GRMARHGIQPRYSGPDAFRK	IVQAEGLKGLWKG 175
AiUCP3	VGGISGCMAQVVAS	<b>PADLVKVRMQAD</b>	GRMARHGIQPRYSGPDAFGK	IVQAEGLKGLWKG 175
AtUCP3	<b>VGGFSGVIAQVVAS</b>	<b>PADLVKVRMQAD</b>	<b>GRLVSQGLKPRYSGPIEAFTK</b>	<b>ILQSEGVKGLWKG</b> 179
SsUCP3	AGGLSGVAAQVVSS	<b>PADLVKVRMQAD</b>	SRMLNQGIQPRYTGIA	DAFTKIIRAEGRGLWKG 146
	::*::*	::*::*::*::*::*::*::*::*::*::*	::*::*::*::*::*::*::*::*::*::*	::*::*::*::*::*::*::*::*::*::*

	4° Segmento α-hélice transm.      3° Segmento citosólico      5° Segmento α-hélice transm.	
GmUCP3	VFPNIQRAFLVNMGELACYDHAKQFVIRSRIADDNVFAHTFASIMSGLAATSLSCPADVV	235
GsUCP3	VFPNIQRAFLVNMGELACYDHAKQFVIRSRIADDNVFAHTFASIMSGLAATSLSCPADV	235
CcUCP3	VFPNIQRAFLVNMGELACYDHAKQFVIRSRIADDNVYAHTLASIMSGLAATSLSCPADV	233
VaUCP3	VFPNIQRAFLVNMGELACYDHAKQFVIRSRIADDNVYAHTLASIVSGLAATSLSCPADV	235
VrUCP3	VFPNIQRAFLVNMGELACYDHAKQFVIRSRIADDNVYAHTLASIMSGLAATSLSCPADV	235
PvUCP3	VFPNIQRAFLVNMGELACYDHAKQFVIRSRIADDNVYAHTLASIISGLAATSLSCPADV	235
LaUCP3	VFPNIQRAFLVNMGELACYDHAKQIVIKSRIADDNVYAHTLASTMSGLAATSLSCPADV	235
MtUCP3	VFPNIQRAFLVNMGELACYDHAKQFVYIKSRIADDNVYAHTLASIMSGLAATSLSCPADV	232
CaUCP3	VFPNIQRAFLVNMGELAVYDHAKQFVYIKSRIADDNVYAHTLASIMSGLAATSLSCPADV	235
AdUCP3	VLPNVQRAFLVNMGELACYDHAKQLVIRSRIADDNVYAHTLASIMSGLAATSLSCPADV	235
AiUCP3	VLPNVQRAFLVNMGELACYDHAKQLVIRSRIADDNVYAHTLASIMSGLAATSLSCPADV	235
AtUCP3	VLPNIQRAFLVNMGELACYDHAKHFVIDKKAEDNIFAHTLASIMSGLASTSLSCPADV	239
SsUCP3	VVFNQRAFLVNMGELICYDQAKRLIIRKQICDDNLYAHTLASIASGLSATTLSCPADV	206
	*. ** *****: **::*: * .: * .: *: *: **    *::*: *****:	

	3° Segmento da matriz      6° Segmento α-hélice transm.	
GmUCP3	KTRMMNQAAKKEGKVLNSSYDCLVKTIKVEGIRALWKGFFFTWARLGPWQFVFWVSYEK	295
GsUCP3	KTRMMNQAAKKEGKVLNSSYDCLVKTIKVEGIRALWKGFFFTWARLGPWQFVFWVSYEK	295
CcUCP3	KTRMMNQAAKKEGTVLNSSCDCLVKTVKVEGIRALWKGFFFTWARLGPWQFVFWVSYEK	293
VaUCP3	KTRMMNQAAKKEGKVLNSSYDCLVKTVKVEGIRALWKGFFFTWARLGPWQFVFWVSYEK	295
VrUCP3	KTRMMNQAAKREGKVLNSSYDCLVKTVKVEGIRALWKGFFFTWARLGPWQFVFWVSYEK	295
PvUCP3	KTRMMNQAAKKEGKVLNSSYDCLVKTVKVEGIRALWKGFFFTWARLGPWQFVFWVSYEK	295
LaUCP3	KTRMMNQSAKNEGKVLNSSYDCLVKTVKVEGIRALWKGFFFTWARLGPWQFVFWVSYEK	295
MtUCP3	KTRMMNQAKKEGNVLYRSSYDCLVKTVKVEGIRALWKGFFFTWARLGPWQFVFWVSYEK	292
CaUCP3	KTRMMNQAAKKEGNVLYSSYDCLVKTVKVEGLRALWKGFFFTWARLGPWQFVFWVSYEK	295
AdUCP3	KTRMMNQVAK-EGKVLNSSLCLVKTVKVEGIRALWKGFFFTWARLGPWQFVFWVSYEK	294
AiUCP3	KTRMMNQAAK-EGKVLNSSLCLVKTVKVEGIRALWKGFFFTWARLGPWQFVFWVSYEK	294
AtUCP3	KTRMMNQGEN---AVYRNSYDCLVKTVKVEGIRALWKGFFFTWARLGPWQFVFWVSYEK	295
SsUCP3	KTRMMNQGKE--GKAMYRSSYDCLVKTVRHEGVTA LLKGFLLTWARLGPWFVFWVSYEK	264
	***** :    : * . * ***** : ** ** *****: ***** *****: **	

	4° Segmento citosólico	
GmUCP3	FRKFAGLSSF	305
GsUCP3	FRKFAGLSSF	305
CcUCP3	FRKFAGLSSF	303
VaUCP3	FRKFAGLSSF	305
VrUCP3	FRKFAGLSSF	305
PvUCP3	FRKFAGLSSF	305
LaUCP3	FRKIAGLSSF	305
MtUCP3	FRKLAGLSSF	302
CaUCP3	FRNFAGLSSF	305
AdUCP3	FRKIAGLSSF	304
AiUCP3	FRKIAGLSSF	304
AtUCP3	FRLLAGISSF	305
SsUCP3	LRQASGISSF	274
	: *    : * : **	



**Apêndice 04:** Alinhamento das pUCPs dos tipos 4,5 e 6 de soja (*Glycine max*), bem como de outras leguminosas (*Cajanus cajan*, *Phaseolus vulgaris*, *Medicago truncatula*, *Cicer arietinum*, *Lupinus angustifolius*, *Vigna angularis*, *Vigna radiata*, *Arachis duranensis* e *Arachis ipaensis*).

**Cinza** – assinatura específica da UCP

**Amarelo** – SPTE

**Turquesa** – Sequência de arabidopsis

**Rosa** – Aminoácidos variáveis

**Branco/preto** – Treonina e histidina conservadas

**Azul** – PNBD

	1° Seg. cito.	1° Segmento α-hélice transm.	1° Segmento da matriz	
SsUCP4	MGVKGFVEGGIASIVAGCSTHPLDLIKVRMQLQ	GEAAA	-----VTAAPQPALR	48
SsUCP5	MGVKGFVEGGIASIVAGCSTHPLDLIKVRMQLQ	GEAA	-----AAPQPALR	45
LaUCP4a	MGIKGFVEGGIASIAGCSTHPLDLIKVRMQLQ	GESN	-----PAPVRNIR	45
LaUCP4b	MGLKGFVEGGIASIAGCSTHPLDLIKVRMQLQ	GEPN	-----PNPVHNL	45
AdUCP4	MGVKGFVEGGIASIVAGCSTHPLDLIKVRMQLQ	GESN	-----PTSVP	45
AiUCP4	MGVKGFVEGGIASIVAGCSTHPLDLIKVRMQLQ	GESN	-----PTSVP	45
GmUCP4a	MGVKGFVEGGIASIAGCSTHPLDLIKVRMQLQ	GENN	-----LPKPVQNL	46
GmUCP4b	MGVKGFVEGGIASIAGCSTHPLDLIKVRMQLQ	GENN	-----LPKPVQNL	46
PvUCP4	MGVKGFVEGGIASIAGCSTHPLDLIKVRMQLQ	GESN	-----APKPVHNL	46
VrUCP4	MGVKGFVEGGIASIAGCSTHPLDLIKVRMQLQ	GENN	-----APKPVHNL	46
CcUCP4	MGVKGFVEGGIASIAGCSTHPLDLIKVRMQLQ	GETN	-----VPKPLHNL	46
MtUCP4	MGVKGFVEGGIASIAGCSTHPLDLIKVRMQLQ	GENAP	-----KPNPVQIL	47
CaUCP4	MGVKGFVEGGIASIAGCSTHPLDLIKVRMQLQ	GENAP	-----KPNPVHNL	47
GmUCP5b	MGVKGFVEGGIASVAGCSTHPLDLIKVRMQLQ	GETQ	-----QPSNL	43
CcUCP5	MGVKGFVEGGIASVAGCSTHPLDLIKVRMQLQ	GETQ	-----H-SNL	42
AdUCP5	MGLKGFVEGGIASVAGCSTHPLDLIKVRMQLQ	GETT	-----Q-----	38
AiUCP5	MGLKGFVEGGIASVAGCSTHPLDLIKVRMQLQ	GETT	-----Q-----	38
VaUCP5b	MGVKGFVEGGIASVAGCSTHPLDLIKVRMQLQ	GET	-----	36
LaUCP5	MGIKGFVEGGIASVAGCSTHPLDLIKVRMQLQ	GETQ	-----V-----	38
MtUCP5b	MGVKGFVEGGIASIAGCSTHPLDLIKVRMQLQ	GENA	-----PTTNIR	43
CaUCP5b	MGVKGFVEGGIASIAGCSTHPLDLIKVRMQLQ	G-EI	-----QTPNIR	42
AtUCP5	MGLKGFVEGGIASIVAGCSTHPLDLIKVRMQLQ	GESA	-----PIQTNL	44
VaUCP5a	MTVKGFVEGGVASIVAGCSTHPLDLIKVRMQLQ	ETH	-----NLR	39
VrUCP5	MTVKGFVEGGVASIVAGCSTHPLDLIKVRMQLQ	ETH	-----NLR	39
PvUCP5	MTLKGFVEGGVASIVAGCTHPLDLIKVRMQLQ	ETH	-----HNLR	41
GmUCP5a	MSLKGFVEGGVASIVAGCTHPLDLIKVRMQLQ	ETH	-----TLR	39
MtUCP5a	MGVKAFLEGGIASIVAGSTHPLDLIKVRMQLQ	GE	-----KNLPLR	41
CaUCP5a	MGVKGFLEGGIASIVAGSTHPLDLIKVRMQLQ	GETL	-----PLSHNL	44
AtUCP4	MGVKSFVEGGIASIAGCSTHPLDLIKVRLQLH	GEAP	-----STTTVTLR	46
AtUCP6	MGFKPFLEGGIAIITAGALTHPLDLIKVRMQLQ	GEHSFSLDQNP	PNPNSLDHNL	PVKPYR 60
	* . * * * * : * : * : * . * * * * * * * * * * * * :			

Continuação

2º Segmento  $\alpha$ -hélice transm.

SsUCP4	PALAFHAGGHAVALPPHHDI PAAAPRKPGLAVGAQILRSEGARGLFSGVSATMLRQT	108
SsUCP5	PALAFHAGGHAVALP-HHHDIPVPP-PRKPGLAVGAQILRSEGARGLFSGVSATMLRQT	103
LaUCP4a	SELAF-HNGS-SIHVA---QAPQIK--PRVGPI SVGIRLVQVEGVAALFSGISATVLRQT	98
LaUCP4b	PALAF-QNGS-SIHVSPPTPQIK--PRMGPIAVGVRLVQVEGVAALFSGVSATVLRQT	101
AdUCP4	PALAF-QTGSRSIHVSPPPQITQP---PRVGLVTVGKLVQVEGLAALFSGVSATVLRQT	101
AiUCP4	PALAF-QTGSRSIHVSPPPQITQP---PRVGLVTVGKLVQVEGLAALFSGVSATVLRQT	101
GmUCP4a	PALAF-QTGST-VHVAA----AIPQ--TRVGPIAVGVRLVQVEGLAALFSGVSATVLRQT	98
GmUCP4b	PALAF-QTGST-LHVAA----AVPP--PRVGPI SVGVRLVQVEGLAALFSGVSATVLRQT	98
PvUCP4	PALAF-QTGSN-LHVS----AIPQ--ARVGPIAVGVRLVQVEGLAALFSGVSATVLRQT	97
VrUCP4	PALAF-QTASN-VHVA-----TIPQ--ARVGPIAVGVRLVQVEGLAALFSGVSATVLRQT	97
CcUCP4	PALAF-QTGST-VHVA----ALPQ--PRVGPIAVGVRLVQVEGVAALFSGVSATVLRQM	97
MtUCP4	PALAFQQTGTTTIIHVGST---PVPQ--PRVGLVSVGVRLVQVEGVTALFSGISATVLRQT	102
CaUCP4	PALAF-QTGTTSIHVGPT---PLPQ--PRVGPI SVGVRLVQVEGVRALFSGVSATVLRQT	101
GmUCP5b	PALAFHPSSVHAPPQP-----AA---KEGPIAVGVKLVQVEGVAALFSGVSATVLRQL	93
CcUCP5	PALAFHPTSVDHAPPHR-----PA---KAGPIAVGVKLVQVEGVAALFSGVSATILRQL	92
AdUCP5	PALALHSTSTHAPPHP-----PA--PKAGPIAVGIKLVQVEGVVALFSGVSATVLRQL	89
AiUCP5	PALALHSTSTHAPPHP-----PA--PKAGPIAVGIKLVQVEGVVALYSGVSATVLRQL	89
VaUCP5b	---AFNPSFVHAPP-----KVGPI SVGVKLVQVEGVTALFSGVSATILRQL	80
LaUCP5	HNQVFNNASPTLPQPS-----RVGPIATGVKLVQREGVVALFSGASATVLRQA	86
MtUCP5b	PALAFQPGSVHRSPAVTA-----QP--PRVGPIAVGVKLVQVEGVAALFSGVSATVLRQC	96
CaUCP5b	PAMAIQPGSVHSLP-----PP--PRVGPI SVGVKLVQVEGVAALFSGVSATVLRQV	91
AtUCP5	<b>PALAFQTSTTVNAPPL-----RVGVI GVGSRLLIREEGMRALFSGVSATVLRQT</b>	92
VaUCP5a	PAFAFH----ASTPMP-----PP--PPSGPI SVGVRIVQSEGVAALFSGVSATMLRQT	86
VrUCP5	PAFAFH----ASTPMP-----PP--PPSGPI SVGVRIVQSEGVAALFSGVSATMLRQT	86
PvUCP5	PAFALH----APTMP-----PP--PPSGPI SVGVRIVQSEGVAALFSGVSATMLRQT	88
GmUCP5a	PAFAFH----APTMP-----PP--PPSGPI SVGLRIVQSEGVAALFSGVSATVLRQT	86
MtUCP5a	PAYAFHSHSSHPPIFHP-----KP--SVSGPI SVGIRIVQSEGITALFSGVSATVLRQT	93
CaUCP5a	PAFAFH--SSHPSILPTT-----PP--SVSGPI SLGLRIVQSEGVSALFSGVSATVLRQT	95
AtUCP4	PALAFPNSSPAAFLETT-----SV--PKVGPISLGINIVKSEGAALFSGVSATLLRQT	99
AtUCP6	PVFALDSLIGISLPLLHIHAPSSSTRSVMTFFAVGAHIVKTEGPAALFSGVSATLLRQM	120

Continuação

2º Segmento citosólico

3º Segmento  $\alpha$ -hélice transm.

SsUCP4	LYSTTRMGLYDILKTKWTPPDNNG----VLPLHRKIAAG-LVAGGVGAAVGNPADVAMVR	163
SsUCP5	LYSTTRMGLYDILKTKWTPPDNNG----VLPLHRKIAAG-LVAGGVGAAVGNPADVAMVR	158
LaUCP4a	LYSTTRMGLYDILKQKWSIGG-----NMPLSRKIEEAGLIAGAVGAAGVNPADVAMVR	151
LaUCP4b	LYSTTRMGLYDVLKQKWSITGG-----NMPLSRKIEAG-LIAGGIGAAGVNPADVAMVR	153
AdUCP4	LYSTTRMGLYDLLKQKWSVPSVPPGGATTMPLSRKIEAG-LIAGGVGAAVGNPADVAMVR	160
AiUCP4	LYSTTRMGLYDLLKQKWSVPSVPPGGATTMPLSRKIEAG-LIAGGVGAAVGNPADVAMVR	160
GmUCP4a	LYSTTRMGLYDVLKTKWTDVSGT-----TMPLSRKIEAG-LIAGGIGAAGVNPADVAMVR	152
GmUCP4b	LYSTTRMGLYDVLKTKWTDVSGT-----TMPLGKKIEAG-LIAGGIGAAGVNPADVAMVR	152
PvUCP4	LYSTTRMGLYDILKTKWTDPAAG----TMPLGRKIEAG-LIAGGIGAAGVNPADVAMVR	151
VrUCP4	LYSTTRMGLYDVLKTKWTDPAAG----TMPLGRKIEAG-LIAGGIGAAGVNPADVAMVR	151
CcUCP4	LYSTTRMGLYDVLKTKWTDPAAG----TMPLTRKIEAG-LIAGGVGAAVNPADVAMVR	151
MtUCP4	LYSTTRMGLYDVLKTKWTDREAG-----TMPLVRKIEAG-LIAGGVGAAGVNPADVAMVR	157
CaUCP4	LYSTTRMGLYDILKTKWSDQASG----NMPLARKIEAG-LIAGGVGAAGVNPADVAMVR	155
GmUCP5b	LYSTTRMGLYDVLKTKWSDPNASAGG---TMSLARKITAG-LISGGIGAVGNPADVAMVR	149
CcUCP5	LYSTTRMGLYDVLKTKWSDPNASAGG---TMPLTRKIAAG-LMAGGIGAAGVNPADVAMVR	149
AdUCP5	LYSTTRMGLYDMFKNKWSDPNAGGS----MPLSRKIAAG-LIAGGIGAAGVNPADVAMVR	144
AiUCP5	LYSTTRMGLYDMFKNKWSDPNAGGS----MPLSRKIAAG-LIAGGIGAAGVNPADVAMVR	144
VaUCP5b	LYSTTRMGLYDVLKTKWSDPNFASG----TMPLTYKITAG-LIAGGIGAAGVNPADVAMVR	136
LaUCP5	LYSTTRMGLYDIFKKKWSDPNSGGN----LPLTRKIAAG-LIAGGIGAAGVNPADVAMVR	141
MtUCP5b	LYSTTRMGLYDMMKKKWSDPISG----TLPLTSKIGAG-LLAGGIGAAGVNPADVAMVR	150
CaUCP5b	LYSTTRMGLYDMLKKKWSDPNAGG----TMPLTSKIAAG-LIAGGIGAAGVNPADVAMVR	146
AtUCP5	<b>LYSTTRMGLYDILKGEWTDPETK-----TMPLMKKIGAG-AIAGGIGAAGVNPADVAMVR</b>	146
VaUCP5a	LYSTTRMGLYDVLKRWTDPEQG-----TMPLSRKITAG-LVAGGIGAAGVNPADVAMVR	140
VrUCP5	LYSTTRMGLYDVLKRWTDPEQG-----TMPLSRKITAG-LIAGGIGAAGVNPADVAMVR	140
PvUCP5	LYSTTRMGLYDVLKRWTDPEQG-----TIPLSRKITAG-LVAGGIGAAGVNPADVAMVR	142
GmUCP5a	LYSTTRMGLYDVLKRWTDPRG-----TMPLTRKITAG-LVAGGIGAAGVNPADVAMVR	140
MtUCP5a	LYSTTRMGLYDVLKQWTDPEIG----TMPLVTKKITAG-LIAGGIGAAGVNPADVAMVR	147
CaUCP5a	LYSTTRMGLYDLLKQWTDPEIG----TMPVSKKITAG-LIAGGIGAAGVNPADVAMVR	149
AtUCP4	LYSTTRMGLYDVLKRWTDPESG----KLNLNRKITAG-LVAGGIGAAGVNPADVAMVR	153
AtUCP6	LYSTTRMGLYDVLKRWTDPEIG----NFPLVTKKITAG-LIAGAVGSVVGNPADVAMVR	174

	2° Segmento da matriz	4° Segmento $\alpha$ -hélice transm.	3° Seg. cito.	
SsUCP4	MQADGRLPLAERRNYAGVGDAIGRMARDEGVRS	SLWRGSSSLTVNRAMIVTASQLATYDQAK		223
SsUCP5	MQADGRLPLAERRNYAGVGDAIGRMARDEGVRS	SLWRGSSSLTVNRAMIVTASQLATYDQAK		218
LaUCP4a	MQADGRLPPAQRRNYKSVVDAISTMVKQEGVTS	SLWRGSSSLTVNRAMLVTASQLASYDQFK		211
LaUCP4b	MQADGRLPPAQRRNYKSVVDALSTMVQKREGVTS	SLWRGSSSLTVNRAMLVTASQLASYDQFK		213
AdUCP4	MQADGRLPPAQRRNYKSVVDAITRMAKQEGVAS	SLWRGSSSLTVNRAMLVTASQLASYDQFK		220
AiUCP4	MQADGRLPPAQRRNYKSVVDAITRMAKQEGVAS	SLWRGSSSLTVNRAMLVTASQLASYDQFK		220
GmUCP4a	MQADGRLPPAQRRNYKSVVDAITRMAKQEGVTS	SLWRGSSSLTVNRAMLVTASQLASYDQFK		212
GmUCP4b	MQADGRLPPAQRRNYKSVVDAITRMAKQEGVTS	SLWRGSSSLTVNRAMLVTASQLASYDQFK		212
PvUCP4	MQADGRLPLAERRNYKSVVDAITRMAKQEGVTS	SLWRGSSSLTVNRAMLVTASQLASYDQFK		211
VrUCP4	MQADGRLPPAERRNYKSVVDAILRMAKQEGVTS	SLWRGSSSLTVNRAMLVTASQLASYDQFK		211
CcUCP4	MQADGRLPAAERRNYKSVVDAITRMAKQEGVAS	SLWRGSSSLTVNRAMLVTASQLASYDQFK		211
MtUCP4	MQADGRLPPAQRRNYKSVVDAITRMAKQEGVTS	SLWRGSSSLTVNRAMLVTASQLASYDQFK		217
CaUCP4	MQADGRLPPAQRRNYKSVVDAITRMAKQEGVTS	SLWRGSSSLTVNRAMLVTASQLASYDQFK		215
GmUCP5b	MQADGRLPPAQRRNYKSVLDAITRMTKDEGITS	SLWRGSSSLTVNRAMLVTASQLASYDQFK		209
CcUCP5	MQADGRLPPAQRRNYKSVVDAITRMAKQEGVTS	SLWRGSSSLTVNRAMLVTASQLASYDQFK		209
AdUCP5	MQADGRLPPAQRRNYNSVLDAITRMRNEGVTS	SLWRGSSSLTVNRAMIVTASQLASYDEFK		204
AiUCP5	MQADGRLPPAQRRNYNSVLDAITRMRNEGVTS	SLWRGSSSLTVNRAMLVTASQLASYDEFK		204
VaUCP5b	MQADGRLPPSQRNNYKSVVDAITRMTKDEGVTSL	SLWRGSSSLTVNRAMIVTASQLASYDQFK		196
LaUCP5	MQADGRLPPAQRRNYKSVIDAIRTMKDEGVI	SLWRGSSSLTVNRAMLVTASQLASYDQFK		201
MtUCP5b	MQADGRLPSAQRRNYKSVVDAISRMAKDEGVTSL	SLWRGSSSLTVNRAMLVTASQLASYDEFK		210
CaUCP5b	MQADGRLPPTQRRNYKSVVDAITRMAKDEGVTSL	SLWRGSSSLTVNRAMLVTASQLASYDEFK		206
AtUCP5	MQADGRLPLTDRRNYKSVLDAITQMIRGEGVTS	SLWRGSSSLTVNRAMLVTSSQLASYDSVK		206
VaUCP5a	MQADGRAPAAERRNYKGVFDAIRRMSNQE	SLWRGSALTVNRAMIVTASQLASYDQFK		200
VrUCP5	MQADGRAPAAERRNYKGVFDAIRRMSNQE	SLWRGSALTVNRAMIVTASQLASYDQFK		200
PvUCP5	MQADGRAPAAERRNYKGVFDAIRRMSNQE	SLWRGSALTVNRAMIVTASQLASYDQFK		202
GmUCP5a	MQADGRLPPAERRNYNGVFDAIRRMSNQE	SLWRGSALTVNRAMIVTASQLASYDQFK		200
MtUCP5a	MQADGRLPVNQRRDYKGVFDAIRMANQE	SLWRGSALTVNRAMIVTASQLASYDTFK		207
CaUCP5a	MQADGRLPVTERRNYKSVFDAIKRMSNQE	SLWRGSALTVNRAMIVTASQLASYDQFK		209
AtUCP4	MQADGRLPLAQRRNYAGVGDAIRSMVKEGVTSL	SLWRGSALTVNRAMIVTAAQLASYDQFK		213
AtUCP6	MQADGSLPLNRRRNYKSVVDAIDRIARQEGVSS	SLWRGSWLTVNRAMIVTASQLATYDQAK		234
	***** * :*: * * **: : . ** : ***** ** :*****:***:***:*** *			

	3° Segmento citosólico	5° Segmento $\alpha$ -hélice transm.	3° Segmento da matriz	
SsUCP4	EAILARRGPGADGLATHVAASFTAGIVAAAASNP	PVDVVKTRVMNMKVAPGAP-PPYAGAV		282
SsUCP5	EAILARRGPGADGLATHVAASFTAGIVAAAASNP	PVDVVKTRVMNMKVAR-AP-PPYAGAV		276
LaUCP4a	EMILEK-GVMRDGLGTHVTASFAAGFVASVANS	PVDVIKTRVMNMRVEPGAE-PPYSGAL		269
LaUCP4b	EMILEK-GLLRDGLGTHVTASFAAGFVAAVTNP	PVDVIKTRVMNMRVEPGAE-PPYSGAM		271
AdUCP4	EAILEK-GLMRDGLGTHVTASFAAGFVAAVASNP	PVDVIKTRVMNMRVEPGAE-PPYTAL		278
AiUCP4	EAILEK-GLMRDGLGTHVTASFAAGFVAAVASNP	PVDVIKTRVMNMRVEPGAE-PPYTAL		278
GmUCP4a	ETILEN-GMMRDGLGTHVTASFAAGFVAAVASNP	PVDVIKTRVMNMRVEPGAE-PPYAGAL		270
GmUCP4b	EMILEN-GVMRDGLGTHVTASFAAGFVAAVASNP	PVDVIKTRVMNMRVEPGAE-PPYAGAL		270
PvUCP4	ETILEK-GLMRDGLGTHVTASFAAGFVAAVASNP	PVDVIKTRVMNMRVEPGAE-PPYAGAL		269
VrUCP4	EMILER-GVMRDGLGTHVTASFAAGFVAAVASNP	PVDVIKTRVMNMRVEPGAE-PPYAGAL		269
CcUCP4	EMILEK-GLMRDGLGTHVTASFAAGFVAAVASNP	PVDVIKTRVMNMRVEPGAE-PPYAGAL		269
MtUCP4	EMILEK-GVMRDGLGTHVTASFAAGFVAAVASNP	PVDVIKTRVMNMRVEAGKE-PPYAGAL		275
CaUCP4	EMILEK-GVMRDGLGTHVTASFAAGFVAAVASNP	PVDVIKTRVMNMRVEAGKE-PPYAGAL		273
GmUCP5b	EMILEK-GVMRDGLGTHVTSSFAAGFVAAVTNSP	PVDVIKTRVMNMRVEPGAA-PPYSGAL		267
CcUCP5	EMILER-GVMGDGLGTHVTASFAAGFVAAVTNSP	PVDVIKTRVMNMRVEPGAA-PPYSGAL		267
AdUCP5	EMILKK-GLMRDGLGTHVTASFAAGFLASVTNSP	PVDVIKTRVMNMRVEPGAA-PPYSGAL		262
AiUCP5	EMILKK-GLMRDGLGTHVTASFAAGFVASVTNSP	PVDVIKTRVMNMRVEPGAE-PPYSGAL		262
VaUCP5b	EMILEK-GVMRDGLGTHVTASFAAGFVAAIMSNP	PVDVIKTRVMNMRVEHGAP-PPYSGAL		254
LaUCP5	EMILEK-GIMRDGLGTHVTASFAAGFVAAVASNP	PVDVIKTRVMNMRVEPGAA-PPYSGAL		259
MtUCP5b	EKILKN-GWMKDGLGTHVVASFSAGFVAAVASNP	PVDVIKTRVMNMRVEAGSP-PPYSGAI		268
CaUCP5b	ETILEK-GWMRDGLGTHVTASFAAGFVAAVTNP	PVDVIKTRVMNMRVEGSP-PPYSGAV		264
AtUCP5	ETILEK-GLLRDGLGTHVSAASFAAGFVASVANS	PVDVIKTRVMNMRVAGVA-PPYKGA		264
VaUCP5a	ETILGH-GWMEDGLGTHVAASFAAGFVASVANPI	PVDVIKTRVMNMRVEA-----YNGAF		253
VrUCP5	ETILGH-GWMEDGLGTHVAASFAAGFVASVANPI	PVDVIKTRVMNMRVEA-----YNGAF		253
PvUCP5	ETILGR-GWMEDGLGTHVAASFAAGFVASVANPI	PVDVIKTRVMNMRVDA-----YNGAL		255
GmUCP5a	ESILGR-GWMEDGLGTHVLAASFAAGFVASIASNP	PVDVIKTRVMNMRVDA-----YNGAL		253
MtUCP5a	EMILEK-GWMKDGFTHVVASFAAGFLAASVANS	PVDVIKTRVMSMKVSGGEGAPYKGA		266
CaUCP5a	ETIVEK-GWMKDGFTHVVASFAAGFVAAVASNP	PVDVIKTRVMSMKVESGETPPYNGAL		268
AtUCP4	EGILEN-GVMNDGLGTHVVASFAAGFVASVANS	PVDVIKTRVMNMRVGA-----YDGAW		266
AtUCP6	EILVAGGRGTPGGIGTHVAASFAAGFVAAVASNP	PVDVVKTRVMNADKEI-----YGGPL		288
	* : : . ** : ***** ** :*****:***:***:*** *			

	Continuação	6º Segmento $\alpha$ -hélice transm.	4º Segmento citosólico	
SsUCP4	DCALKTVRSEGPMA <sup>L</sup> YKGFIP <sup>T</sup> V <sup>M</sup> R <sup>Q</sup> G <sup>P</sup> PFTV <sup>L</sup> FV <sup>T</sup> L <sup>E</sup> Q <sup>V</sup> R <sup>K</sup> V <sup>F</sup> K <sup>G</sup> V <sup>E</sup> F			331
SsUCP5	DCALKTVRSEGPMA <sup>L</sup> YKGFIP <sup>T</sup> V <sup>M</sup> R <sup>Q</sup> G <sup>P</sup> PFTV <sup>L</sup> FV <sup>T</sup> L <sup>E</sup> Q <sup>V</sup> R <sup>K</sup> V <sup>F</sup> K <sup>G</sup> V <sup>E</sup> F			325
LaUCP4a	DCALKTVRAEGPMA <sup>L</sup> YKGFIP <sup>T</sup> I <sup>S</sup> R <sup>Q</sup> G <sup>P</sup> PFTV <sup>L</sup> FV <sup>T</sup> L <sup>E</sup> Q <sup>V</sup> R <sup>K</sup> L <sup>F</sup> K <sup>D</sup> Y--			316
LaUCP4b	DCALKTVRAEGPMA <sup>L</sup> YKGFIP <sup>T</sup> I <sup>S</sup> R <sup>Q</sup> G <sup>P</sup> PFTV <sup>L</sup> FV <sup>T</sup> L <sup>E</sup> Q <sup>V</sup> R <sup>K</sup> L <sup>L</sup> K <sup>D</sup> F--			318
AdUCP4	DCALKTVRAEGPMA <sup>L</sup> YKGFIP <sup>T</sup> I <sup>S</sup> R <sup>Q</sup> G <sup>P</sup> PFTV <sup>L</sup> FV <sup>T</sup> L <sup>E</sup> Q <sup>V</sup> R <sup>K</sup> L <sup>F</sup> K <sup>D</sup> F--			325
AiUCP4	DCALKTVRAEGPMA <sup>L</sup> YKGFIP <sup>T</sup> I <sup>S</sup> R <sup>Q</sup> G <sup>P</sup> PFTV <sup>L</sup> FV <sup>T</sup> L <sup>E</sup> Q <sup>V</sup> R <sup>K</sup> L <sup>F</sup> K <sup>D</sup> F--			325
GmUCP4a	DCALKTVRAEGPMA <sup>L</sup> YKGFIP <sup>T</sup> I <sup>S</sup> R <sup>Q</sup> G <sup>P</sup> PFTV <sup>L</sup> FV <sup>T</sup> L <sup>E</sup> Q <sup>V</sup> R <sup>K</sup> L <sup>L</sup> K <sup>D</sup> F--			317
GmUCP4b	DCALKTVRAEGPMA <sup>L</sup> YKGFIP <sup>T</sup> I <sup>S</sup> R <sup>Q</sup> G <sup>P</sup> PFTV <sup>L</sup> FV <sup>T</sup> L <sup>E</sup> Q <sup>V</sup> R <sup>K</sup> L <sup>L</sup> K <sup>D</sup> F--			317
PvUCP4	DCALKTVRAEGPMA <sup>L</sup> YKGFIP <sup>T</sup> I <sup>S</sup> R <sup>Q</sup> G <sup>P</sup> PFTV <sup>L</sup> FV <sup>T</sup> L <sup>E</sup> Q <sup>V</sup> R <sup>K</sup> L <sup>L</sup> K <sup>D</sup> F--			316
VrUCP4	DCALKTVRAEGPMA <sup>L</sup> YKGFV <sup>P</sup> I <sup>S</sup> R <sup>Q</sup> G <sup>P</sup> PFTV <sup>L</sup> FV <sup>T</sup> L <sup>E</sup> Q <sup>V</sup> R <sup>K</sup> L <sup>L</sup> K <sup>D</sup> F--			316
CcUCP4	DCALKTVRAEGPMA <sup>L</sup> YKGFV <sup>P</sup> I <sup>S</sup> R <sup>Q</sup> G <sup>P</sup> PFTV <sup>L</sup> FV <sup>T</sup> L <sup>E</sup> Q <sup>V</sup> R <sup>K</sup> L <sup>L</sup> K <sup>D</sup> F--			316
MtUCP4	DCALKTVRAEGPMA <sup>L</sup> YKGFIP <sup>T</sup> I <sup>S</sup> R <sup>Q</sup> G <sup>P</sup> PFTV <sup>L</sup> FV <sup>T</sup> L <sup>E</sup> Q <sup>V</sup> R <sup>K</sup> L <sup>L</sup> K <sup>D</sup> F--			322
CaUCP4	DCALKTVRAEGPMA <sup>L</sup> YKGFIP <sup>T</sup> I <sup>S</sup> R <sup>Q</sup> G <sup>P</sup> PFTV <sup>L</sup> FV <sup>T</sup> L <sup>E</sup> Q <sup>V</sup> R <sup>K</sup> L <sup>F</sup> K <sup>D</sup> F--			320
GmUCP5b	DCALKTVRKEGPMA <sup>L</sup> YKGFIP <sup>T</sup> I <sup>S</sup> R <sup>Q</sup> G <sup>P</sup> PFTV <sup>L</sup> FV <sup>T</sup> L <sup>E</sup> Q <sup>V</sup> R <sup>K</sup> L <sup>L</sup> K <sup>D</sup> F--			314
CcUCP5	DCAMKTVRAEGPMA <sup>L</sup> YKGFV <sup>P</sup> I <sup>S</sup> R <sup>Q</sup> G <sup>P</sup> PFTV <sup>L</sup> FV <sup>T</sup> L <sup>E</sup> Q <sup>V</sup> R <sup>K</sup> L <sup>L</sup> K <sup>D</sup> F--			314
AdUCP5	DCAMKTVRAEGPMA <sup>L</sup> YKGFIP <sup>T</sup> I <sup>T</sup> R <sup>Q</sup> G <sup>P</sup> PFTV <sup>L</sup> FV <sup>T</sup> L <sup>E</sup> Q <sup>V</sup> R <sup>K</sup> L <sup>L</sup> K <sup>N</sup> F--			309
AiUCP5	DCAMKTVRAEGPMA <sup>L</sup> YKGFIP <sup>T</sup> I <sup>T</sup> R <sup>Q</sup> G <sup>P</sup> PFTV <sup>L</sup> FV <sup>T</sup> L <sup>E</sup> Q <sup>V</sup> R <sup>K</sup> L <sup>L</sup> K <sup>N</sup> F--			309
VaUCP5b	DCALKTMRAEGPMA <sup>L</sup> YKGFV <sup>P</sup> I <sup>S</sup> R <sup>Q</sup> G <sup>P</sup> PFTV <sup>L</sup> FV <sup>T</sup> L <sup>E</sup> Q <sup>V</sup> R <sup>N</sup> L <sup>L</sup> K <sup>D</sup> F--			301
LaUCP5	DCALKTIHAEGPMA <sup>L</sup> YKGFIP <sup>T</sup> I <sup>C</sup> R <sup>Q</sup> G <sup>P</sup> PFTV <sup>L</sup> FV <sup>T</sup> L <sup>E</sup> Q <sup>V</sup> R <sup>K</sup> L <sup>L</sup> K <sup>D</sup> F--			306
MtUCP5b	DCALKTIRAEGPMA <sup>L</sup> YKGFIP <sup>T</sup> I <sup>T</sup> R <sup>Q</sup> G <sup>P</sup> PFTV <sup>L</sup> FV <sup>T</sup> L <sup>E</sup> Q <sup>V</sup> R <sup>K</sup> L <sup>L</sup> K <sup>D</sup> F--			315
CaUCP5b	DCVLKTVRGEGPMA <sup>L</sup> YKGFIP <sup>T</sup> I <sup>T</sup> R <sup>Q</sup> G <sup>P</sup> PFTV <sup>L</sup> FV <sup>T</sup> L <sup>E</sup> Q <sup>V</sup> R <sup>K</sup> L <sup>L</sup> K <sup>D</sup> F--			311
AtUCP5	DCALKTVKAEGIMS <sup>L</sup> YKGFIP <sup>T</sup> V <sup>S</sup> R <sup>Q</sup> A <sup>P</sup> PFTV <sup>L</sup> FV <sup>T</sup> L <sup>E</sup> Q <sup>V</sup> K <sup>K</sup> L <sup>F</sup> K <sup>D</sup> Y <sup>D</sup> F			313
VaUCP5a	DCALKTVRAEGPLA <sup>L</sup> YKGFIP <sup>T</sup> I <sup>S</sup> R <sup>Q</sup> G <sup>P</sup> L <sup>T</sup> V <sup>L</sup> FV <sup>T</sup> L <sup>E</sup> Q <sup>V</sup> R <sup>K</sup> L <sup>L</sup> K <sup>E</sup> F--			300
VrUCP5	DCAMKTVRAEGPLA <sup>L</sup> YKGFIP <sup>T</sup> I <sup>S</sup> R <sup>Q</sup> G <sup>P</sup> PFTV <sup>L</sup> FV <sup>T</sup> L <sup>E</sup> Q <sup>V</sup> R <sup>K</sup> L <sup>L</sup> K <sup>E</sup> F--			300
PvUCP5	DCALKTVRAEGPLA <sup>L</sup> YKGFIP <sup>T</sup> I <sup>S</sup> R <sup>Q</sup> G <sup>P</sup> PFTV <sup>L</sup> FV <sup>T</sup> L <sup>E</sup> Q <sup>V</sup> R <sup>K</sup> L <sup>L</sup> K <sup>D</sup> F--			302
GmUCP5a	DCALKTVRAEGPLA <sup>L</sup> YKGFIP <sup>T</sup> I <sup>S</sup> R <sup>Q</sup> G <sup>P</sup> PFTV <sup>L</sup> FV <sup>T</sup> L <sup>E</sup> Q <sup>V</sup> R <sup>K</sup> L <sup>F</sup> K <sup>D</sup> F--			300
MtUCP5a	DCAVKTVRAEGVMA <sup>L</sup> YKGFIP <sup>T</sup> I <sup>S</sup> R <sup>Q</sup> G <sup>P</sup> PFTV <sup>L</sup> FV <sup>T</sup> L <sup>E</sup> Q <sup>L</sup> R <sup>K</sup> L <sup>L</sup> K <sup>D</sup> F--			313
CaUCP5a	DCAIKTVRAEGPMA <sup>L</sup> YKGFIP <sup>T</sup> I <sup>S</sup> R <sup>Q</sup> G <sup>P</sup> PFTV <sup>L</sup> FV <sup>T</sup> L <sup>E</sup> Q <sup>V</sup> R <sup>K</sup> L <sup>L</sup> K <sup>D</sup> F--			315
AtUCP4	DCAVKTVKAEGAMA <sup>L</sup> YKGFV <sup>P</sup> I <sup>V</sup> C <sup>R</sup> Q <sup>G</sup> P <sup>P</sup> F <sup>T</sup> V <sup>L</sup> F <sup>V</sup> T <sup>L</sup> E <sup>L</sup> Q <sup>V</sup> R <sup>K</sup> L <sup>L</sup> R <sup>D</sup> F--			313
AtUCP6	DCAVKMVAEEGPMA <sup>L</sup> YKGLV <sup>P</sup> I <sup>A</sup> T <sup>R</sup> Q <sup>G</sup> P <sup>P</sup> F <sup>T</sup> M <sup>L</sup> F <sup>L</sup> I <sup>T</sup> L <sup>E</sup> Q <sup>V</sup> R <sup>G</sup> L <sup>L</sup> K <sup>D</sup> V <sup>K</sup> F			337

\*\* . : \* : \*\* : : \* \* \* \* : \* \* \*\* . \* : : \* \* \* \* \* : : : :

**Apêndice 05:** Alinhamento dos genes da família multigênica da UCP em soja. As sequências marcadas com diferentes cores indicam os *primers* específicos utilizados para reações de PCR.

**Branco/vermelho** – Junções exón/exón

**ATG** – codón de iniciação

**Cores variadas** - Iniciadores

GmUCP1a1	-GACTAAGCCTACAGTCATTAGAGGGATACGATGCTATACGAAACATTAATAAGGAATTA	59
GmUCP1a2	-----AATAAAGGAGAACAAC-----CTAAAAAAAAA---	27
GmUCP1b1	-----CTT-----	3
GmUCP1b2	-----CTT-----	3
GmUCP1b1Sp1	-----CTT-----	3
GmUCP2	-GGGTAGTTTTCTAATTACTTAAACATGATTCACATCA-----ATTTC-----	41
GmUCP3	--GGTGCGGATAGAACAGGTTFCGGATAAACTGAACCGT-----GTCA-----	40
GmUCP4a	-----TTCAGCATATGTCTCAAAGGCCACG-----	26
GmUCP4b	ATCGTTTATTCAGCATATGTCTCAAAGGCCACG-----	34
GmUCP5b	-----TCTCAGCATATGTCTTAAAGGCCAATC-----	27
GmUCP5a	-----	
GmUCP1a1	AGGAAACCGTGCAAGTGTGCAACA-----TGCATTGCATTCTAGCAAAGCAAGTGGACCT	114
GmUCP1a2	---AAACAGCA-AAAGT---CAGC-----CA-----AGAGCAAAA-AAACCA	59
GmUCP1b1	-----GTCTTGAAC-----TTCACTG-----T	20
GmUCP1b2	-----GTCTTGAAC-----TTCACTG-----T	26
GmUCP1b1Sp1	-----GTCTTGAAC-----TTCACTG-----T	20
GmUCP2	-----TCTCTGTGTCTAAC-----CACTCT-----ATCT	65
GmUCP3	-----GTGTGTCAT-----CATCG-----	54
GmUCP4a	-----GTTCCCTCACTCCTCTTCCATAG-----CC	50
GmUCP4b	-----ATTCCCTCACTCCTCTTCCATAG-----CC	58
GmUCP5b	-----GTTCCCTCACTCCTTGTCCATAG-----CC	51
GmUCP5a	-----	
GmUCP1a1	TGCCAGCTCAAGGAAATTT-----TACC-AGACAAT---AAATGAGTGAAGTATTC----	160
GmUCP1a2	CGTAA--TCAAA-----CACC-AAACAACCGAAAAAAAAAAGGATATACTGGA	103
GmUCP1b1	CGTTACGCCAAA-----CACC-ATTTTTTT-----TTCTCTTCC--	53
GmUCP1b2	CGTTACGCCAAA-----CACC-ATTTTTTT-----CTCTTCC--	56
GmUCP1b1Sp1	CGTTACGCCAAA-----CACC-ATTTTTTT-----TTCTCTTCC--	53
GmUCP2	TGGAGTGTGAAAGTAACGCAACTAACACC-ACACCTAT-----ATATTAATTTACCG--	116
GmUCP3	-ACTGCTCCAAATG-----GCCGAGGTAATTT-----TGAATCTAAT--	90
GmUCP4a	TGCGGCCTT-----CACTCTCATCTCC-----TGGTCTCCA--	81
GmUCP4b	TGCGGCCTT-----CACTCTCATCTCC-----TGGTCTCCA--	89
GmUCP5b	TTCGATCTT-----CATTCCACCTTT-----TGGTCTCTA--	82
GmUCP5a	-----TT-----TACTT-----	7
GmUCP1a1	-AGAAACCAAAAACCAATA <b>GCAATACATTTCCGAT</b> ----- <b>TTCCAG</b> ACAGAG-----G	207
GmUCP1a2	AAGAAGCTCAAAAC--ATGGGGACA-ACCACCGAA-----TCACACCTTGAG-----	147
GmUCP1b1	-----TCTGAAGCCATT-----TTTTCTTCC-----TTCCTTTTGGT-----T	87
GmUCP1b2	-----TCTGAAGCCATT-----TTTTCTTCC-----TTCCTTTTGGT-----T	90
GmUCP1b1Sp1	-----TCTGAAGCCATT-----TTTTCTTCC-----TTCCTTTTGGT-----T	87
GmUCP2	-----TGAACTCGTTTGAAAGATTTAACCCAAAGTGGTTGCTTGCGAAG-----T	161
GmUCP3	-----CGTGAATCCATGATGCCTGATGGGTAG <b>GA</b> AATCATTGCAGCCAAAAGACATCAT	144
GmUCP4a	-----GTGAGATGAAC-----CCTAGCTCCAATTG---G <b>CCC</b> ----- <b>A</b>	116
GmUCP4b	-----GTGAGATGAAC-----CCTAGCTCCAATTG---G <b>CCC</b> ----- <b>A</b>	120
GmUCP5b	-----GTGAGATGAAC-----CCAAACTCCAATTG---GTCCTCTTGAATCCAAACCC	127
GmUCP5a	-----TGTGTTGAA-----TTCAAT <b>A</b> -----	23
GmUCP1a1	AACTACTCAGCTTAGC--TTGAGTATTTTCA-----AGAGGGGAT	245
GmUCP1a2	-----TCGAGGAAGG---AAGTA-----A-----AGAGAAAGT	172
GmUCP1b1	TCCTATTCCCTTCT----TCAATTATCTC-----T	112
GmUCP1b2	TCCTATTCCCTTCT----TCAATTATCTC-----T	115
GmUCP1b1Sp1	TCCTATTCCCTTCT----TCAATTATCTC-----T	112
GmUCP2	TGC-GTTAATGCTA----CTACTCTCCT-----T	185
GmUCP3	ACCAGTTCCGGTTTCC-TTGATTGTCTT-----	172
GmUCP4a	-TCAATTAC-----CTCTTAATTAGT-----	136
GmUCP4b	<b>TTAGTTAC</b> ----- <b>CTCTT</b> -----	133
GmUCP5b	TTTAATTATACATTCATTCTTTTATTTTTTTCCTTCAAAATTTCCCGGAAAATTCTCT	187
GmUCP5a	-----	

GmUCP1a1 CAAAGGGAAGAGAAGGGAAGGACTCAA--AC TTGCACACG--CAACCT-----TT 292  
GmUCP1a2 -GAAGAAGGGAAGAAGGGAAGGACTCAA--ATTTGCACACG--TAACCT-----TT 218  
GmUCP1b1 C-----TTCATTTAGTTGTGAACA--T--TTT-----TT 137  
GmUCP1b2 C-----TTCATTTAGTTGTGAACA--T--TTT-----TT 140  
GmUCP1b1Sp1 C-----TTCATTTAGTTGTGAACA--T--TTT-----TT 137  
GmUCP2 C-----AGCTTCTTAATCACTCTCACCCAACCCTTTC-----TT 219  
GmUCP3 -----AGAAGAACAACAGCCTTGCATA--TC TTTTGGTGGTGGAGTT 212  
GmUCP4a -----AATFACTTAACTCAATTA--GCCTTTCA----- 163  
GmUCP4b -----TCCTC CATCTCATATA--TCCCATT----- 156  
GmUCP5b CTGAGAAAATCAACCATTACCCACTTCTTTAATTCCATTGA--TTCTTTAAAAATAA--- 243  
GmUCP5a -----

GmUCP1a1 GGTTCCTTTCCCAACTACTCACCATG GTGGCAGA-TTCTAA---GTC--CAATTCCGACC 345  
GmUCP1a2 GGTTCCTTTCCCAACTACTCACCATG GTGGCAGA-TTCTAA---GTC--CAAATCCGACC 271  
GmUCP1b1 CGGTCTCGTCGAAGCA-----ATG GTGGCGGG-TGGCAA---TTC--CAAATCCGACA 184  
GmUCP1b2 TGGCCTCGTTGAAGCA-----ATG GTGGGGG G-TGGCAA---TTC--CAAATCCGATA 187  
GmUCP1b1Sp1 CGGTCTCGTCGAAGCA-----ATG GTGGCGGG-TGGCAA---TTC--CAAATCCGACA 184  
GmUCP2 CTTCTTCTTTACCA-----GCGTCAACA-A-TCTCAG---ATC--CGTACCAGA-- 263  
GmUCP3 AGGTCTTTCTTGAATGTAC--CCATG AATCAGGCTATCAA---CACGGTGGAGTTGATA 267  
GmUCP4a CTCTCCACACA-ACA-----ACATCA--TGGCGTCAAAGGTTTGTGCGAAGGAGGCA 214  
GmUCP4b -----GCATCA--TGGCGTCAAAGGTTTGTGCGAAGGAGGCA 208  
GmUCP5b CAATCTTTTTCACGTA-----ACTTGAAATG GGTGTCAAAGGTTTGTGCGAAGGAGGCA 297  
GmUCP5a -----TCAGTCTTAAGGGATTTTTCGAGGGTGGTG 53  
\* \*

GmUCP1a1 TCTCCTTCGGAAAAAT---CTTTGCCA-GCA----GTGCTTTC-TG-----TGCATGT 389  
GmUCP1a2 TCTCCTTCGGAAAAAT---CTTTGCCA-GCA----GTGCTTTC-TG-----TGCATGT 315  
GmUCP1b1 TCTCCTTTGCTGGCAC---TTACGCTA-GCA----GTGCTTTC-GC-----TGCATGT 228  
GmUCP1b2 TCTCCTTTGCTGGCAC---TTACGCTA-GCA----GTGCTTTC-GC-----TGCATGT 231  
GmUCP1b1Sp1 TCTCCTTTGCTGGCAC---TTACGCTA-GCA----GTGCTTTC-GC-----TGCATGT 228  
GmUCP2 TTTCTGTTCTGCTCAAGC---CTTCTTGT-GCA----GCGCTTTC-GC-----CGCGTGT 307  
GmUCP3 TTACTCACACTAAGGC---CTTT-CTA-ACA----TCACTGTTCAGC-----T--ATGG 309  
GmUCP4a TTGCTTCCATCATTGCGAGGATGTTCCACACACCCACTTGATCTCATCAAGGTCCGCATGC 274  
GmUCP4b TCGCTTTCATCATTGCGAGGATGTTCCACACACCCACTTGATCTCATCAAGGTCCGCATGC 268  
GmUCP5b TTGCTTCTGTGATCGAGGTTGTTCCACACACCCCTTGTATCTCATCAAGGTAAAGAAATGC 357  
GmUCP5a TCGCTTCCATCGTTCGAGGCTGCACCACTCACCACTCGACCTCATCAAGGTTCGAATGC 113  
\* \* \* \* \*

GmUCP1a1 TTCGCTGAGGTGTGTACTATTCCTTTGGATACTGCCAAA-----GTGAGGCTTCAGCT 442  
GmUCP1a2 TTCGCTGAGGTGTGTACTATTCCTTTGGATACTGCCAAA-----GTGAGGCTTCAGCT 368  
GmUCP1b1 TTCGCTGAGGTGTGTACTATTCCTTTGGATACTGCCAAA-----GTGAGGCTTCAGCT 281  
GmUCP1b2 TTCGCTGAGGTGTGTACTATTCCTTTGGATACTGCCAAA-----GTGAGGCTTCAGCT 284  
GmUCP1b1Sp1 TTCGCTGAGGTGTGTACTATTCCTTTGGATACTGCCAAA-----GTGAGGCTTCAGCT 281  
GmUCP2 TTCGCTGAGGTGTGTACTATTCCTTTGGATACTGCCAAA-----GTGAGGCTTCAGCT 360  
GmUCP3 TG-GCTGAGACCACAACCTTTCCCAATAGATTGATCAAG-----ACCAGGCTCCAAC 361  
GmUCP4a AGCTTCAGGGCGAAAAACAATTTGCCCAAACCGGTTCAAAAATCTCCGACCCGCACTCGCCT 334  
GmUCP4b AGCTTCAGGGTGAACAACAATTTGCCCAAACCGGTTCAAAAATCTCCGACCCGCACTCGCCT 328  
GmUCP5b AGCTTCAAGGAGAGACCCA-----GC--AACC--CTCGAA-TCTCCGACCCGCACTCGCCT 408  
GmUCP5a AACTTCAAGA-----AACC----CACACTCTCCGCCAGCCTTTGCCT 152  
\* \* \* \* \*

GmUCP1a1 TCAAAAGCAAGCTG-----TAGCTGGTGTGTTGCTCCTTACCTAAATATAAGGGTAT 496  
GmUCP1a2 TCAAAAGCAAGCTG-----CAACTGGTGTGATGTTCTCCTTACCTAAATATAAGGGTAT 422  
GmUCP1b1 TCAAAACAAGCTG-----TAGTTGGTGTGTTGGTGACCTTACCTAAATATAAGGGTAT 335  
GmUCP1b2 TCAAAACAAGCTG-----TAGTTGGTGTGTTGGTGACCTTACCTAAATATAAGGGTAT 338  
GmUCP1b1Sp1 TCAAAACAAGCTG-----TAGTTGGTGTGTTGGTGACCTTACCTAAATATAAGGGTAT 335  
GmUCP2 CCAAAGAAGGTAC-----GGATTGATGATGGAGTGGGTTTACCTAAATATAAGGGTAT 414  
GmUCP3 CCATG-GCGAGT-----CACTT--TCCTCGAGTCAACCCACT--AGTGA-----TTT 404  
GmUCP4a TCCAAACCGGTTTCGACCGTCCACGTGGCAGCG--GCTATTCCGCGACCCCGTGGGT-- 390  
GmUCP4b TCCAAACCGGTTTCGACCGTCCACGTGGCAGCG--GCTATTCCGCGACCCCGTGGGT-- 384  
GmUCP5b TCCACCTAGCTC---CGTCCACGCG-CCGCC--GCAG--CCGGCGGCAAGGAGGTT-- 458  
GmUCP5a TTTAC---GCTC-----CCTACTC--CAATG--CCTCCTCCGCGCCCTCCG--GC-- 193

GmUCP1a1 GCTGGGAACAGTTGGAAC---CATTGCCAGGGAAGAAGGT-CTTTCAGCACTCTGGAAGG 552  
GmUCP1a2 GCTGGGAACAGTTGGAAC---CATTGCCAGGGAAGAAGGT-CTTTCAGCACTCTGGAAGG 478  
GmUCP1b1 GCTGGGAACAGTTGGAAC---CATTGCCAGGGAAGAAGGT-CTTTCAGCACTCTGGAAGG 391  
GmUCP1b2 CTTGGGAACAGTTGGAAC---CATTGCCAGGGAAGAAGGT-TTTTCAGCACTCTGGAAGG 394  
GmUCP1b1Sp1 GCTGGGAACAGTTGGAAC---CATTGCCAGGGAAGAAGGT-CTTTCAGCACTCTGGAAGG 391  
GmUCP2 GCTGGGACAGTTGGAAC---CATTGCCAGGGAAGAAGGT-ATATCAGCTCTGTGGAAG 470  
GmUCP3 --CGAGTAGGCTTGGG---CATTATTCGTGAACAAGGTGCCCTTGGC-CTTTACAGTG 456  
GmUCP4a -CCCATCGCGGTTGGGGTTTCGCTCGTCCAGCAAGAAGGC-CTTGGCGCTTTGTTCTCCG 448  
GmUCP4b -CCCATCTCGGTTGGGGTTTCGCTCGTCCAGCAAGAAGGC-CTTGGCGCTTTGTTCTCCG 442

GmUCP5b -CCCATTGCCGTCGGAGTTAAGT **TAGTCCAACAAGAAGGC** -**CTC**GCCGCGCTTTTCTCCG 516  
GmUCP5a -CCCATCTCCGTCGGCCTCCGCAT**CTGTT**CAGTCGGAGGGA -**CT**CGCCGCTCTTTTCTCCG 251  
\* \* \* \* \*

GmUCP1a1 GCAT-TGTGCCAG-GGTTACATCGTCA-ATGTTTGTATGGAGGCTTAA--GAATTG--GG 605  
GmUCP1a2 GCAT-TGTGCCAG-GGTTACATCGTCA-ATGTTTGTATGGAGGCTTAA--GAATTG--GG 531  
GmUCP1b1 GGAT-TGTGCCAG-GGCTACAT**CGTCA** -**ATGTTTGAATGGTGGT**TTAA--GAATTG--CG 444  
GmUCP1b2 GGAT-TGTGCCAG-GGCTACATCGTCA-ATGTTTGAATGGGGGGTTAA--GAATTG--CG 447  
GmUCP1b1Sp1 GGAT-TGTGCCAG-GGCTACATCGTCA-ATGTTTGAATGGTGGTTTAA--GAATTG--CG 444  
GmUCP2 GCAT-TGTTCTCG-TTTTACACCGCCA-ATGTTTATATGGAGGCTTAA--GAATTG--GG 523  
GmUCP3 GCCT-GTCCACAGCAATTAT-TAGACACATGTTT---TACTCGCCTATTGCAATTGTTGG 511  
GmUCP4a GCGTCTCCGCCACTG--TCCTCCGCCAGACGCTC---TACTCCACCACCCGTATGG 501  
GmUCP4b GCGTCTCCGCCACCG--TCCTCCGCCAGACGCTC---TACTCCACCACCCGCATGG--GC 495  
GmUCP5b GCGTCTCCGCCACCG--TCCTCCGCCAGCTTCTC---TACTCCACCAC**TCGCATG** -**GA** 569  
GmUCP5a GCGTCTCCGCCACCG--TCCTCCGCCAGACGCTC---TACTCCACCACCCGCATGG--GC 304  
\* \* \* \* \*

GmUCP1a1 TTATATGAACCT**GT**TTAAGA-CITTTCTATGTGGGAAAGACCAT-----GTTGGAGATGT 658  
GmUCP1a2 TTATATGA**CGCTGTTAAGA-CITTTCTATGTGG**GGAAAGACCAT-----GTTGGAGATGT 584  
GmUCP1b1 TTATATGAGCCT**GT**TTAAGA-ATTTCTATGTGGGCTGACCAT-----GTTGGAGATGT 497  
GmUCP1b2 TTATATGAGCCT**GT**TTAAGA-ATTTCTATGTGGGCTGACCAT-----GTTGGAGATGT 500  
GmUCP1b1Sp1 TTATATGAGCCT**GT**TTAAGA-ATTTCTATGTGGGCTGACCAT-----GTTGGAGATGT 497  
GmUCP2 TTATATGATCC**GT**TGAAAACATTTCT-TGTTGGTAGTGCATTT-----GTTGGAGAGGT 576  
GmUCP3 TTATGAGAACCTGAGAAATGTGTTTCTGTGTGATAATG-CTTC-----GTT-----C 557  
GmUCP4a CTCTACGACGTCTCAAGA-----CCAAGT--GGACCGACTCC-----GTCACCGGCAC 548  
GmUCP4b CTCTACGACGTCTCAAGA-----CCAAGT--GGACCGACTCC-----GTCACCGGCAC 542  
GmUCP5b **CTCTACG**AGGTGCTCAAGA-----AGAAAT--GGTCCGATCCCAATTCTGCCGGAGGCAC 622  
GmUCP5a CTCTACGACGTCTCAAGC-----GCCACT--GGACCGACCC-----GACCGCGGAAC 351  
\* \* \* \* \*

GmUCP1a1 T---CCATTGTCAAAGAAAATTCTTGTGTCATTTACAAC**CTGG**TGCTTTTGCAATTGCAGT 715  
GmUCP1a2 T---CCATTGTCAAAGAAAATTCTTGTGTCATTTACAAC**CTGG**TGCTTTTGCAATTGCAGT 641  
GmUCP1b1 T---CCATTGTTTAAAGAAAATTCTCGCTGGATTTACAAC**CTGG**TGCTATGGCAATTGCAGT 554  
GmUCP1b2 T---CCATTGTCTAAGAAAATTCTCGCTGGATTTACAAC**CTGG**TGCTATGGCAATTGCAGT 557  
GmUCP1b1Sp1 T---CCATTGTTTAAAGAAAATTCTCGCTGGATTTACAAC**CTGG**TGCTATGGCAATTGCAGT 554  
GmUCP2 T---CCATTATACCATATGATATTTGGCTGCTCTGCTGACT**CTGG**TGCTTTGGCAATCAAA 633  
GmUCP3 T---CTATCGT-TGGCAAGGCTGTAGTTGGTGGAACTCTCTGGTGTCTTGGCTCA**CG**TTAT 613  
GmUCP4a CATGCCGCTCAGCCGCAAGATCGAGGCCGGTCTCATCGCCGGTGGCATCGCGCCGCGCGT 608  
GmUCP4b CATGCCACTCGGAAAAAGATCGAGGCCGGGCTCATCGCCGGCGGCATCGCGCCGCGCGT 602  
GmUCP5b CTTGTGCTATCTCGTAAGATAACCGCAGGGTTAAATTTCTGGTGGAAATCGCGCAGTCTG 682  
GmUCP5a CATGCCCTCACAAGAAAATCACGGCCGGGCTCGTCGCCGGCGGGATCGGAGCCGCGCT 411  
\* \* \* \* \*

GmUCP1a1 GGCAAAATCCAACCGATCTTGTGCAAAGTTAGACTTCAAGCTGAAGGA-AAATTACCTCCTG 774  
GmUCP1a2 GGCAAAATCCAACCGATCTTGTGCAAAGTTAGACTTCAAGCAGAAGGA-AAATTACCTCCTG 700  
GmUCP1b1 GGC**CAATCCAACCTGATCTTGTGAAAG**TTAGACTTCAAGCAGAAGGA-AAATTACCTCCTG 613  
GmUCP1b2 GGCAAAATCCAACCGATCTTGTGAAAGTTAGACTTCAAGCAGAAGGA-AAATTGCCTCCTG 616  
GmUCP1b1Sp1 GGC**CAATCCAACCTGATCTTGTGAAAG**TTAGACTTCAAGCAGAAGGA-AAATTACCTCCTG 613  
GmUCP2 TGCTAAATCCAACCGATCTAGTCAAAGTTAGGCTTCAAGCTGAAGGT-CAATTGCCAACTG 692  
GmUCP3 AGCCAGCCAGCTGATCTTGTCAAGGTGAGGATGCAAGCTGATGGCCAAAGGGTGAGCCA 673  
GmUCP4a GGGGAACCCCGCCGACGTGGCCATGGTCCGAATGCAGGCAGACGGG-----CGCCTCCCT 663  
GmUCP4b GGGAAACCCCGCCGACGTGGCGATGTCGAATGCAGGCAGACGGG-----CGCCTCCCT 657  
GmUCP5b TGGAATCCCGCCGATGTAGCCATGGTCCGCATGCAGGCAGACGGG-----AGACTTCCG 737  
GmUCP5a GGGCAACCCCGCCGACGTGGCGATGGTGCGAATGCAGGCAGACGGG-----CGCCTCCG 466  
\* \* \* \* \*

GmUCP1a1 GTGTTCCAGGC--GCTACT-CTGGATCTT--TAAATGCT-TATTCAACAATTGTGAGAC 828  
GmUCP1a2 GTGTTCCAGGC--GGTACT-CTGGATCTT--TAAATGCT-TATTCAACAATTGTGAGAC 754  
GmUCP1b1 GTGTGCCAGGC--GTTACT-CTGGATCAT--TAAATGCT-TATTCAACAATTGTGAGAC 667  
GmUCP1b2 GCGTGCCCAAGC--GCTACT-CTGGATCAT--TAAATGCT-TATTCAACAATTGTGAGAC 670  
GmUCP1b1Sp1 GTGTGCCAGGC--GTTACT-CTGGATCAT--TAAATGCT-TATTCAACAATT**GTGAGAC** 667  
GmUCP2 GGGTACCTAAGC--GTTATT-CTGGTGTCT--TAGATGCA-TATTTAACTATACTGAGAC 746  
GmUCP3 AAGTCTTCAACCCCGTATT-CGGGGCCAT--TTGATGCTCTAAACAA-AATTGT**TCGTG** 729  
GmUCP4a CCG-GCACAGCGGCGCAACTACAAGTCCGTCGTGGACGCCAT-CACGCGAATGGCGAAGC 721  
GmUCP4b CCG-GCGCAGCGGCGCAACTACAAGTCCGTTGTGGACGCCAT-CACGCGAATGGCGAAGC 715  
GmUCP5b CCG-ATCCGACAACGGAATTATAAATCCGTCCTTGACGCCAT-CGCAAGGATGACAAAAG 795  
GmUCP5a CCG-GCGGAGCGTCGCAACTACAACGGCGTGTTCGACGCCAT-ACGGCGCATGAGTAACC 524  
\* \* \* \* \*

GmUCP1a1 **AGGA**AGGAGTTGGGGCTCTTTGGACTGGGCTTGGCCCAATATAGCAAGAAATGGTATCA 888  
GmUCP1a2 **AGGA**AGGAGTTGGGGCTCTTTGGACTGGGCTTGGCCCAATATAGCAAGAAATGGTATCA 814  
GmUCP1b1 **AGGA**AGGAGTTGGAGCACTTTGGACTGGGATGGTCCCAACATAGCAAGAAATGGCATCA 727  
GmUCP1b2 **AGGA**AGGAGTTGGAGCACTTTGGACTGGGATGGTCCCAACATAGCAAGAAATGGTATTA 730  
GmUCP1b1Sp1 **AGGA**AGGAGTT**GGAG**CACTTTGGACTGGGATGGTCCCAACATAGCAAGAAATGGCATCA 727  
GmUCP2 **AGGA**AGGGATAGGGGCTTGTGGACAGGTCTTGGGGCAATATAGCAAGAAATGGCAATTA 806  
GmUCP3 **CTGA**AGGATTTCAAGGATTTGGAAGGGTGTTTTCTTAATATC-CAAAGAGCCTTCTTA 788

GmUCP4a AAGAAGGCGTCACTAGCCTTTGGAGAGGC-TCATCGCTTACGGTGAACCGCGCCATGCTC 780  
GmUCP4b AAGAGGGCGTCACTAGCCTGTGGAGAGGC-TCATCGCTTACGGTGAACCGCGCCATGCTC 774  
GmUCP5b AAGAGGGCATCACTAGCTTATGGCGTGGT-TCATCGTTAACAGTGAACCGCGCCATGTTA 854  
GmUCP5a AAGAAGGCGTTGGTAGCCTGTGGCGGGT-TCAGCGCTTACGGTGAACCGCGCGATGATC 583  
\* \* \* \* \*

GmUCP1a1 -TCAATGCTGCCGAATTAGCCAGCTATGATCAAGTAAAACA**GACT**ATTTT-GAAAAATTC 946  
GmUCP1a2 -TCAATGCTGCTGAATTAGCCAGCTATGATCAAGTAAAACA**GACT**ATTTT-GAAAAATTC 872  
GmUCP1b1 -TTAATGCTGCTGAACTAGCCAGCTATGATCAAGTAAAACA**GACT**ATTTT-GAAAAATTC 785  
GmUCP1b2 -TTAATGCTGCTGAACTAGCCAGCTATGATCAAGTAAAACA**GACT**ATTTT-GAAAAATTC 788  
GmUCP1b1Sp1 -TTAATGCTGCTGAACTAGCCAGCTATGATCAAGTAAAACA**GACT**ATTTT-GAAAAATTC 785  
GmUCP2 -TAAATGCTGCGGAATTGGCTAGCTATGATAAAGTAAAAC**GAC**CGATTTT-GAAAAATTC 864  
GmUCP3 GTGAACATGGGAGAATTAGCCTGTTATGATCATGCTAAACAATTTGTTAT-TAGAAGT-- 845  
GmUCP4a GTGACGGCGTCGCAGCTCGCGTC**GTACGACCCAGTTCAAAGAAAC**GATCCTTGGAGAACGGC 840  
GmUCP4b GTGACGGCGTCGCAGCTGGCTTCTACGACCAGTTCAAAGAAATGATTTCTCGAGAACGGC 834  
GmUCP5b GTGACGGCCTCGCAGCTCGCTTCTTACGACCAGTTCAAAGGAGATGATTTTGGAAAAGGGT 914  
GmUCP5a GTTACGGCTTCTCAGTTGGCTCGTACGACCAGTTTAAAGAAAGCATTTTATAGACGGCC 643  
\* \* \* \* \*

GmUCP1a1 AGGAT--TCACTGACAATGTTGTAACCTCATCTTCTTGCTGGTCTTGGGGCAGGGTTTTTC 1004  
GmUCP1a2 CGGAT--TCACTGACAATGTTGTAACCTCATCTCCTTGCTGGTCTTGGGGCAGGGTTTTTC 930  
GmUCP1b1 TGGAT--TCACCGACAATGTTGTAACCTCACCTTCTTGCTGGTCTAGGAGCAGGATTTTTT 843  
GmUCP1b2 TGGAT--TCACCGACAATGTTGTAACCTCACCTTCTTGCTGGTCTAGGAGCAGGATTTTTT 846  
GmUCP1b1Sp1 TGGAT--TCACCGACAATGTTGTAACCTCACCTTCTTGCTGGTCTAGGAGCAGGATTTTTT 843  
GmUCP2 AGGGT--TCATGGACAATGTCTATACTCACCTACTCGCTGGCTTAGGTGCAGGTCTTTTT 922  
GmUCP3 AGGATAGCTGATGACAATGTTTTTGCCACACTTTTGCTTCCATCAT**GTCAGGTTTACGC** 905  
GmUCP4a ATGATG---CGCGACGGGCTCGGGACCCATGTCACGGCGAGCTTCGCGGGGGGTTTCGTG 897  
GmUCP4b GTGATG---CGCGACGGGCTCGGGACCCACGTACGGCGAGCTTCGCGGGGGGTTTCGTG 891  
GmUCP5b GTAATG---CGTGATGGTCTTGGGACCCATGTAACGTGAGTTTCGACGGGGGTTTCGTG 971  
GmUCP5a TGGATG---GAGGACGGGCTTGGGACCCACGTGTTAGCGAGTTTTCGCGGGGGTTTTGTG 700  
\* \* \* \* \*

GmUCP1a1 GCCGCTGTATTGGCTCCCCAGTTGATGT**GG**TTAAGTCGAGAATGATG----- 1052  
GmUCP1a2 GCCGCTGTATTGGCTCCCCAGTTGATGT**GG**TTAAGTCAAGAATGATG----- 978  
GmUCP1b1 GCAGTCTGTGTTGGCTCCCTGTTGATGT**GG**TTAAGTCGAGAATGATG----- 891  
GmUCP1b2 GCAGTCTGTGCTGGCTCCCTGTTGATGT**GG**TTAAGTCGAGAATGATG----- 894  
GmUCP1b1Sp1 GCAGTCTGTGTTGGCTCCCTGTTGATGT**GG**TTAAGTCGAGAATGATG----- 891  
GmUCP2 GCTGTCTTTATTGGTCTCCTGTTGATGT**GG**TGAAATCCAGGATGATG----- 970  
GmUCP3 **GCAACG**TCTTTGAGCTGCCGGGTGATGTTGTGAAGACTAGAATGATGAATCAGGCAGCT 965  
GmUCP4a CGCGGGTGGCGTCAACCCCGTGCACGTGATCAAGAC**GAGGGT**GATGAAC----- 948  
GmUCP4b CGCGGGTGGCGTCAACCCCATCGACGTGATCAAGACCAGGGT**GATGAAC**----- 942  
GmUCP5b CGCGGGTTACGTCAACCCCGTTGACGTGATCAAGACTAGGGT**GATGAAC**----- 1022  
GmUCP5a GCCTCGATTGCGTCAACCCCATGATGTTATAAAGACTAGGGT**GATGAAC**----- 751  
\*\* \* \* \* \* \*

GmUCP1a1 -----GGAGAT----TCTAG-----TTACAAGAACCCTTGATTGTT 1086  
GmUCP1a2 -----GGAGAT----TCTAG-----TTACAGGAACCCTTGATTGTT 1012  
GmUCP1b1 -----GGAGAT----TCGAG-----TTACAAAAGCACCTTGATTGTT 925  
GmUCP1b2 -----GGAGAT----TCAAG-----TTACAAAAGCACCTTGATTGTT 928  
GmUCP1b1Sp1 -----GGAGAT----TCGAG-----TTACAAAAGCACCTTGATTGTT 925  
GmUCP2 -----GGGGAT----TCAAC-----CTACAAAAGCACATTTGAATGCT 1004  
GmUCP3 AAAAAAGGAAGGAAAG----TCTTA-----TATAATAGCTCTTATGATTGCT 1008  
GmUCP4a -----**ATGAGG**GTGGAGCCCGGGGCGACGCCGCCCTACGCCGGCGCTTAGATTGTTG 1000  
GmUCP4b -----ATGAGGGTGGAGCCCGGGGAGGCGCCGCCGTACGCCGGCGCTTAGATTGTTG 994  
GmUCP5b -----ATGAAGGTGAACCTGGGGCGCGCCGCCGTATTCGCCGCACTGGATTGCG 1074  
GmUCP5a -----ATGAAG-----CTAGG-----CTTACAATGGGCGCTTAGATTGTTG 788  
\* \* \* \* \*

GmUCP1a1 TTATCAAAACATTGAAGAATGAT**GG**ACCCTTAGCCTTTTATAAAGGGTTCCTCCCAAATT 1146  
GmUCP1a2 TTATCAAAACATTGAAGAATGAT**GG**ACCCTTAGCCTTTTATAAAGGGTTCCTCCCAAATT 1072  
GmUCP1b1 TCGTTAAGACATTAATAAATGAT**GG**ACCCTTTGCTTTTATAAAGGGTTCATACCAAATT 985  
GmUCP1b2 TCATTAAGACATTAATAAATGAT**GG**ACCCTTTGCTTTTATAAAGGGTTCATACCAAATT 988  
GmUCP1b1Sp1 TCGTTAAGACATTAATAAATGAT**GG**ACCCTTTGCTTTTATAAAGGGTTCATACCAAATT 985  
GmUCP2 TTCTCAAGACTTTGCTTAATGAG**GG**ATTTTGGCCTTCTATAAAGGTTTCTTCCTAATT 1064  
GmUCP3 TGGTGAAGACAATTAAGTTGAAGGAATAAGAGCATTTGTGAAAGGATTTTCCCCACAT 1068  
GmUCP4a CTCTGAAGACTGTGCGCGCGAGGGTCCCATGGCGCTTTATAAAGGGTTTATTCCTACGA 1060  
GmUCP4b CTCTGAAGACGGTGCAGCGCGAGGGTCCCATGGCGCTTTATAAAGGGTTTATTCCTACGA 1054  
GmUCP5b CCTTGAAGACGGTACGCAAAGAGGGCCCATGGCTTTTACAAGGCTTTATTCACCA 1134  
GmUCP5a CTCTCAAGACTGTTTAGGGCCGAAGGACCTT**GG**CCTTTATAAAGGGTTCATCCCTACAA 848  
\* \* \* \* \*

GmUCP1a1 TTGGACGGCTGGGATCTTGG-AATGTGATCATGTTTCTAACCTTAGAACAG**GAC**-----T 1199  
GmUCP1a2 TTGGACGGCTGGGATCTTGG-AATGTGATCATGTTTCTAACCTTAGAACAG**GAC**-----T 1125  
GmUCP1b1 TTGGACGGCTAGGATCTTGG-AATGTGATCATGTTTCTAACCTTAGAACAG**GAC**-----T 1038  
GmUCP1b2 TTGGACGGCTAGGATCTTGG-AATGTGATCATGTTTCTAACCTTAGAACAG**GAC**-----T 1041  
GmUCP1b1Sp1 TTGGACGGCTAGGATCTTGG-AATGTGATCATGTTTCTAACCTTAGAACAG**GAC**-----T 1044



GmUCP2	TTAGTCGAGTAGGAGCCTGG-AATGTGATTATGTTTCTTACCCCTGAACA <b>AGCA</b> -----	1117
GmUCP3	GGGCAAGGCTTGGCCCATGGCAAT----TTGTGTTCTGGGTTTCCTA-----T	1112
GmUCP4a	TCTCGAGGCAGGGACCGTTC- <b>ACTGTGGTGTCTGTCGTGACACTGGAACAGGT</b> -----T	1113
GmUCP4b	TCTCAAGGCAGGGACCGTTC- <b>ACTGTGTGTCTGTCGTGACTCTGGAACAGGT</b> -----T	1107
GmUCP5b	TTTCGAGACAAGGACCCTTC- <b>ACTGTGTTTGTCTGTCACGTTAGAACAGGT</b> -----T	1187
GmUCP5a	TTTCAAGGCAGGGTCTTTC- <b>ACCGTGTCTCTTTGTCTCACCCCTCGAACAAAGT</b> -----C	901
	*        **    * *    *        *    * *    *	
GmUCP1a1	AAAAAGTTCGTCAAAAAG-----TTTAGAGTCGT--CCTGAGGC-----GAGTTCCCG	1244
GmUCP1a2	AAAAGGTTTCGTCAAAAAG-----TTTAGAGTTGT--CCTGAGCT-----GAGTTATC-	1169
GmUCP1b1	AAAAAGTTTGTCAAAAAC-----TTTAGAATCAG--CTTGACTTCAAACAAA-TTATCA	1088
GmUCP1b2	AAAAAATTCGTCAAAAAG-----TTTAGAATCAG--CTTGACCTCAAAAAA <b>ACTTATCA</b>	1092
GmUCP1b1Sp1	GAATACTTTGTGATAGC-----TTTCCATTTTT-- <b>CTTTCCTTCTTATCACCTATCT</b>	1095
GmUCP2	AAGAGAGTTATAAGAGGATAATTGTTGTTAGTTGTTACTCTTCATGATTGAGATT <b>CACCA</b>	1177
GmUCP3	GAGAAGTTCAGGAAA-----TTTGCAGGGCT--CTCTTCTT-----TCTAA	1151
GmUCP4a	CGCAAGTTGCTTAAGGA-----TTTCTGATGAG---GATGATGA-----CG	1151
GmUCP4b	CGCAAGTTGCTTAAGGA-----TTTCTGATGA-----TGA-----CG	1139
GmUCP5b	CGAAAGTTGCTTAAGGA-----TTTCTAA-----TCTAA-----	1211
GmUCP5a	AGGAAGCTCTTCAAGGA-----CTTTGAATTT---TTTATTCAT-----TCG	941
	*        *        *	
GmUCP1a1	TTGAGAATT---TT-----CT----AAGGGACTGGTTGCAACTGCAAATG <b>TAGT</b> GGA	1290
GmUCP1a2	TTGAGAATT---TT-----CT----ATGGGGACTGGTTGCAAT <b>TGCAAATG</b> CAGT <b>GGA</b>	1215
GmUCP1b1	-GTAGATTT---TT-----TTTTTTGAGGAGACTCCCC-----TGGATG <b>CAA</b> TGGA	1130
GmUCP1b2	-GTAGAATT---TT-----TT---GAGGAGACTCCCC-----CAAATG <b>CAA</b> TGGA	1130
GmUCP1b1Sp1	<b>C</b> ATGGAATT---CTAGTTTATTTTTATAGCATACTT <b>GTC</b> -----TGC-TGCGGT <b>TAGA</b>	1143
GmUCP2	AGCAAATTTAGT <b>GTT</b> -----CTTTTTCGGGTGAGT <b>GCTACTGCTATCAGATGA</b> ACA	1231
GmUCP3	TATAACATT---TT-----ATTTATT-----TATT <b>TATACTAGC</b>	1182
GmUCP4a	AGAAGATGT---AT-----GCTACT-----	1168
GmUCP4b	A--AGATGT---AT-----GCTACT-----	1154
GmUCP5b	-----	
GmUCP5a	GACACCTTC---TC-----ACCATT <b>CAC</b> -----TAAT <b>CGA</b>	968
GmUCP1a1	AA-TTGTAGAAAA--TAAAGGTCCCTTTCTCTTCATTC----TGCTAACCAG--GATG	1339
GmUCP1a2	AAATTTGTTGAAA--TAAAGGTCCCTTTCTCTTCATTC----TGCCAACCAG--GATG	1264
GmUCP1b1	AA-TTGTCAACAAAATAAAAAAC---TTCTCTTCATTT---TGTTAAT <b>TGA</b> --AATG	1177
GmUCP1b2	AA-TTGTCAA---GTAAAAAC---TTGTCTTCATTT---TGTTAAT <b>TGG</b> --AACG	1173
GmUCP1b1Sp1	GG-TTA-----GAAGAC-----CCAAAATT---TG-----	1164
GmUCP2	GATTTGTTAGCAG---AAAGTGG-TTTTTCTACATTTACTTCTGCGGTGGATGGACG	1287
GmUCP3	AC-TCA-----TTCATCC-----	1194
GmUCP4a	-----TTCCTTT-----TCAA-----	1179
GmUCP4b	-----TTCATTT-----TCAA-----	1165
GmUCP5b	-----G-----	1212
GmUCP5a	TA-----TTCATTC-----TCTAAT <b>TGG</b> -----	986
GmUCP1a1	TG---GTCAAACATTTTTTTAGGGAGG----AAAAATTTG-ATAGTA----AAATGA	1384
GmUCP1a2	TG---GTCAAACATTTTTTTAGGGAGG----AAAAATTTGGATAGTA----AAATGA	1310
GmUCP1b1	TA---TCAAACATTTTTTTGCTGGGG-----AAATTTG--AGTATTAATAAATTA	1224
GmUCP1b2	TA---CCAAAACAATTTTTTTGGGGGGGGCGGGGAATTTG--TAGTA----ATAAATGA	1224
GmUCP1b1Sp1	-----CAAAACAATTTTTTT-----ATTT---AGTA-----TCA	1190
GmUCP2	TCACGCTTCATATATTTCTTAGTCGATGA-----ATAAACCGTCAAATTT-----ACCA	1334
GmUCP3	-----ATAATAAATTC-----ACAAGTCA--CAGC-----CTA	1220
GmUCP4a	-----TAAGATGCTTTTTCT-----GTTTGTGTTATGT-----TTT	1210
GmUCP4b	-----TAAGATGCGTTTTGT-----GTTTGTCTTGTGC-----TCT	1196
GmUCP5b	-----TAGGAT-----	1218
GmUCP5a	-----TTGAGATACATATCA-----TTCTTTTTTTTTTT-----TTT	1018
	*	
GmUCP1a1	GAAT--GCTA-TT-----CATATATACTAGCTTTTTAGCAATTGC-----CATA-TA	1426
GmUCP1a2	TAATATGTTA-TT-----CATATATACTAGCTTTTTAGCAATTGC-----CATA-TA	1354
GmUCP1b1	GAAGA-GCTA-TG-----CCATCTCCCTGCAATTTAA-AATTTT-----ATTGTT	1267
GmUCP1b2	GAAGA-GCTA-TG-----CGATCCCTGCAATTTAA-AATTTT-----ATTAGTT	1267
GmUCP1b1Sp1	AGATT-GCTAATG-----TATTGATAATG--GTTTAGGAAGCAT-----CTTGCA	1233
GmUCP2	TTGTCTCCTACTTGGGCCATGTGGACGCCACAATTAACATCTTGGCTACAATGAATA	1394
GmUCP3	CAGGGTACTA-----ACACCCAGATTTAT--ATTTT-----TCTC	1253
GmUCP4a	AATAGTACTAGTG-----AT-GTAGTCTAG-----	1235
GmUCP4b	AA---TACTAGTG-----AT-GTAGTCTAG-----	1218
GmUCP5b	-----AATG-----AT-G-----	1225
GmUCP5a	TTAGGGATTAGTT-----ATTGAGGTTTGGAACTTT-----C	1051
	*	
GmUCP1a1	TTCTGTGGGATT-----GCATGCAGT-----TGT-CATGTAT-TTCT	1461
GmUCP1a2	TTCTGTGGGATT-----GCATGCAGT-----TTT-CATATGA-TTCT	1389
GmUCP1b1	GGGCTTGGGCTTG-----GGCTGGGACT-----TGGGCATGGGA <b>ACTTC</b>	1306

GmUCP1b2 GGTTCCTGGGGTTG-----GGCTTGGGCT-----TGGGCATAGGGACTTC 1306  
 GmUCP1b1Sp1 AACTATGAGCT-----GCTTCT-TT-----CAAAGATAAAACCCCTT 1268  
 GmUCP2 GACCGTGAAATTACATTTACTTTGAAAGGCATTCACGTGTACTGGATCGATATGTAATGTAT 1454  
 GmUCP3 AACTTTTAGCT-----CA-----GTGTATACTTT 1277  
 GmUCP4a GATGGCAATTTT-----GTTA 1251  
 GmUCP4b AATGGTAATTTT-----GTTA 1234  
 GmUCP5b -ATGACGA----- 1232  
 GmUCP5a GATGACTACCTTC-----TTGAGATT-----CATATATGATTA 1084

GmUCP1a1 CTTT---AAA-----CTTT-ATTA-----TGAA-C---CGAG 1485  
 GmUCP1a2 CTTT---AAA-----CTTT-ATTA-----TGAA-C---CGAG 1413  
 GmUCP1b1 CTTT---AAAAG-----TCCAAGCCTAGCAGTA-----TGTTTC---CATA 1341  
 GmUCP1b2 CTTT---AAAAG-----TCCAAGCCTAGCAGTA-----TGTTTC---CATA 1341  
 GmUCP1b1Sp1 CTCC---AAA-----CTCACTTCTTTAACTT-----TGGCTT---CATA 1301  
 GmUCP2 TTTTGGGAAATAAGTTGCGTATTTCCCAACTCATTGAATAGACAAAATGAAATGAAACATG 1514  
 GmUCP3 TTTG---AGA-----TAAACTA-----CATTAC---TCTTT 1302  
 GmUCP4a TTCTA-----TTAATCA-----ATGAGA----- 1269  
 GmUCP4b TTCTA-----TTAATCA-----ATGAGA----- 1252  
 GmUCP5b -----AGA----- 1235  
 GmUCP5a TTCTAA-----TTTCATCA-----AATATAT-----TT 1107

GmUCP1a1 CTTG-----GACA-----TGTCACGAGATTTCG--TTTC----- 1511  
 GmUCP1a2 CTTG-----GACA-----TGCCATGCGATT----- 1433  
 GmUCP1b1 TCTA---AGTGAAA-TA---TCAGCTTATGCTTT---TTTTTTA--- 1375  
 GmUCP1b2 TCCA---AGTGAAAATAAGCTTAGCATATGCTTT---TTTTA--- 1377  
 GmUCP1b1Sp1 TTCATAATACTCACACTTACCTTTTCTATCCTATAAATTTCA----- 1344  
 GmUCP2 TATGAATACTTTAGAGTA---TAGCTTATTAATTCA--TTCAAA--- 1553  
 GmUCP3 CCTA-----AGAAGA---TTATATTATACT----- 1324  
 GmUCP4a -----AGTG---CTGTTTATT-----TTCCGAATT- 1291  
 GmUCP4b -----AGCA---CACATTATT-----CTCCGAATT- 1274  
 GmUCP5b -----AGAA-----TATG-----TTT----- 1246  
 GmUCP5a ACCA-----ACAATG---TAAAACATTAACCTGGTATAGAAATT 1143

\*