



**REVISÃO SISTEMÁTICA SOBRE O SEQUENCIAMENTO DO GENOMA DE
Chloroleucon dumosum: DESVENDANDO O POTENCIAL GENÉTICO DE UMA
ESPÉCIE POUCO ESTUDADA.**

Abel Barbosa Lira Neto¹, Rubens Pessoa de Barros², Jhonatan David Santos das Neves³.

¹ ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-7597-3761>

Doutor em Ciências da Saúde Instituição: Universidade Federal de Alagoas.

ORCID:0000-0001-7597-3761

E-mail: abel.neto@uneal.edu.br

² ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-0140-1570>,

Professor Titular do departamento de ciências Biológicas da Universidade Estadual de Alagoas –UNEAL. E-mail: rubens.barros@uneal.edu.br;

³ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1558-6430>,

Diretor do Planetário e Casa da Ciência de Arapiraca – II Centro de Apoio às Escolas em Tempo Integral CAETI III - Prefeitura Municipal de Arapiraca. E-mail: jhonataneducador@yahoo.com.br

Resumo – Este capítulo apresenta uma revisão sistemática sobre o sequenciamento dos genes de cloroplastos de *Chloroleucon dumosum* (Fabaceae), espécie nativa da América do Sul e símbolo botânico do município de Arapiraca (AL). Utilizando como fonte primária a base de dados do National Center for Biotechnology Information (NCBI), foram identificados e analisados genomas e transcritos associados a regiões intergênicas, RNAs ribossomais externos e internos, totalizando um conjunto relevante de informações genômicas disponíveis para a espécie. Os resultados evidenciam a presença de regiões intergênicas com potenciais elementos regulatórios, como enhancers e silencers, capazes de modular a expressão gênica relacionada à biogênese dos cloroplastos e à eficiência fotossintética. Além disso, a identificação de múltiplos transcritos de rRNA externos e internos revela uma organização genômica voltada à alta eficiência na síntese proteica, essencial para o crescimento, adaptação e competitividade da planta em ambientes variados. A análise filogenética desses elementos também contribui para a compreensão das relações evolutivas do gênero *Chloroleucon*. Conclui-se que, embora os dados disponíveis já forneçam importantes insights sobre a genética e a regulação gênica da espécie, o sequenciamento completo do genoma de *Chloroleucon dumosum* é fundamental para explorar plenamente seu potencial biotecnológico, ecológico e conservacionista, especialmente no contexto do centenário de Arapiraca e da valorização de seu patrimônio natural.



Revista da Universidade Estadual de Alagoas/UNEAL - e-ISSN 2318-454X
E-book ARAPIRACA NO CENTENÁRIO: QUAL A ÁRVORE QUE NOS REPRESENTA?
(Arapiraca in the centennial: which tree represents us?). (2026). Ed. Eduneal. Capítulo 6.
DOI <https://doi.org/10.48180/ambientale.v18i1.678>

Palavras-chave: *Chloroleucon dumosum*; genoma de cloroplasto; regiões intergênicas; RNA ribossomal; biotecnologia vegetal; Arapiraca.

ABSTRACT - This chapter presents a systematic review of the chloroplast gene sequencing of *Chloroleucon dumosum* (Fabaceae), a South American native tree and a botanical symbol of the municipality of Arapiraca, Alagoas, Brazil. The National Center for Biotechnology Information (NCBI) database was used as the primary source to identify and analyze available genomic and transcriptomic data, including intergenic regions and external and internal ribosomal RNA (rRNA) transcripts. The results reveal the presence of intergenic regions containing potential regulatory elements, such as enhancers and silencers, which are capable of modulating gene expression related to chloroplast biogenesis and photosynthetic efficiency. Furthermore, the identification of multiple external and internal rRNA transcripts indicates a highly efficient genomic organization for protein synthesis, which is essential for plant growth, environmental adaptation, and competitiveness. These molecular markers also provide valuable insights into the phylogenetic relationships of the genus *Chloroleucon*. It is concluded that, although the available data already offer important information about the genetics and gene regulation of *C. dumosum*, a complete genome sequencing is necessary to fully explore its biotechnological, ecological, and conservation potential, especially in the context of Arapiraca's centennial and the valorization of its natural heritage.

Keywords: *Chloroleucon dumosum*; chloroplast genome; intergenic regions; ribosomal RNA; plant biotechnology; Arapiraca.

INTRODUÇÃO

A história de Arapiraca, ao completar um século de existência, é um testemunho de um progresso contínuo e de um compromisso com o conhecimento. Neste capítulo, propomos explorar um aspecto fundamental da biologia das plantas: a genética dos cloroplastos, com foco específico na espécie *Chloroleucon dumosum*. Esta planta, pertencente à família Fabaceae, é conhecida por suas propriedades ecológicas e econômicas, sendo utilizada em reflorestamento, conservação do solo e na medicina tradicional (CAVALCANTE et al., 2024).

Chloroleucon dumosum, popularmente conhecida como "Arapiraca", é uma árvore nativa da América do Sul, amplamente distribuída em regiões tropicais e subtropicais, especialmente em países como Brasil, Argentina e Paraguai. Essa espécie se destaca por sua capacidade de fixar nitrogênio, o que a torna uma importante aliada em práticas de agroflorestamento e recuperação de áreas degradadas (COSTA et al., 2024). Além disso, suas



Revista da Universidade Estadual de Alagoas/UNEAL - e-ISSN 2318-454X
E-book ARAPIRACA NO CENTENÁRIO: QUAL A ÁRVORE QUE NOS REPRESENTA?
(Arapiraca in the centennial: which tree represents us?). (2026). Ed. Eduneal. Capítulo 6.
DOI <https://doi.org/10.48180/ambientale.v18i1.678>

folhas e cascas têm sido utilizadas na medicina tradicional para tratar diversas condições, incluindo inflamações e problemas digestivos (DO NASCIMENTO MAGALHÃES et al., 2019).

A base de dados do National Center for Biotechnology Information (NCBI) é uma fonte valiosa para dados genômicos e informações sobre sequências de genes de cloroplastos. Uma busca na plataforma utilizando a string "*Chloroleucon dumosum*" revela uma série de sequências de genes de cloroplastos que foram depositadas por pesquisadores ao redor do mundo. Entre os dados disponíveis, encontram-se informações sobre o genoma cloroplástico, genes envolvidos na fotossíntese e outros processos metabólicos fundamentais (VERMA; DANIELL, 2007).

Os cloroplastos são organelas essenciais para a fotossíntese, e seus genomas contêm genes que desempenham papéis críticos na captura de luz e na conversão de energia. Entre os genes cloroplásticos de interesse para *Chloroleucon dumosum*, estão os genes *psbA* e *rbcL*, que codificam proteínas essenciais para o funcionamento do fotossistema II e da enzima ribulose-1,5-bisfosfato carboxilase/oxigenase (RuBisCO), respectivamente. Esses genes têm implicações diretas na eficiência energética das plantas e em sua adaptação a condições ambientais adversas (MULO; SAKURAI; ARO, 2012).

A sequenciação dos genes de cloroplastos de *Chloroleucon dumosum* é fundamental para a compreensão das relações evolutivas entre as espécies e para a identificação de características que podem ser exploradas na biotecnologia. Estudos anteriores têm mostrado que a variabilidade genética em genes de cloroplastos pode ser usada para entender as adaptações de plantas a diferentes ambientes, o que é particularmente relevante em um contexto de mudanças climáticas (POCZAI et al., 2012).

Além disso, a pesquisa em genética de cloroplastos está em constante evolução. Novas tecnologias de sequenciamento, como o sequenciamento de nova geração (NGS), têm permitido a análise de genomas inteiros de maneira mais rápida e eficiente, possibilitando uma compreensão mais abrangente da diversidade genética em espécies como *Chloroleucon dumosum* (KUMAR; JAIN, 2015).



Este capítulo se propõe a apresentar uma revisão sistemática dos principais genes de cloroplastos de *Chloroleucon dumosum* sequenciados e disponíveis no NCBI, analisando as metodologias utilizadas, os resultados obtidos e as implicações de tais descobertas para a biologia e biotecnologia. Ao final, espera-se que esta revisão contribua para o entendimento mais aprofundado da genética de *Chloroleucon dumosum* e suas aplicações práticas.

OBJETIVO GERAL

O objetivo deste capítulo é apresentar uma revisão sistemática sobre os principais genes de cloroplastos sequenciados de *Chloroleucon dumosum*, utilizando a base de dados do National Center for Biotechnology Information (NCBI) como fonte primária de informações. Esta revisão visa atingir os seguintes objetivos específicos:

Objetivos específicos

1. Identificar e Compilar Dados Genômicos: Coletar e compilar informações sobre a sequenciação dos genes de cloroplastos de *Chloroleucon dumosum* disponíveis no NCBI, incluindo a identificação de genes significativos e suas respectivas funções.
2. Discutir a Importância dos Genes de Cloroplastos: Avaliar a relevância dos genes de cloroplastos identificados em termos de sua contribuição para a fotossíntese, adaptação a estresses ambientais e implicações para a biotecnologia, incluindo potenciais aplicações em melhoramento genético e conservação.
4. Contribuir para a Literatura Científica: Oferecer uma contribuição significativa para a literatura científica sobre *Chloroleucon dumosum*, ampliando o conhecimento sobre sua genética e biologia, e servindo como um recurso para pesquisadores e profissionais da área.
5. Sugerir Direções Futuras de Pesquisa: Apresentar recomendações para futuras investigações na área de genética de cloroplastos, incluindo a necessidade de estudos adicionais sobre a variabilidade genética e a funcionalidade dos genes identificados.

Ao final deste capítulo, espera-se que os leitores tenham uma compreensão abrangente dos avanços na pesquisa sobre os genes de cloroplastos de *Chloroleucon dumosum*, bem como das



suas implicações para a biologia vegetal e a biotecnologia, estimulando novas pesquisas e aplicações práticas na área.

MÉTODO

A metodologia a ser empregada na revisão sistemática sobre os principais genes de cloroplastos sequenciados, utilizando como string de busca "*Chloroleucon dumosum*", será estruturada em várias etapas, conforme descrito a seguir:

Definição da Questão de Pesquisa

A primeira etapa consiste em formular a questão de pesquisa que guiará a revisão. Neste caso, a pergunta central será: "Quais são os principais genes de cloroplastos sequenciados de *Chloroleucon dumosum* disponíveis no NCBI e qual é a sua relevância na biologia e biotecnologia?"

a. Critérios de Inclusão e Exclusão

Definiremos critérios claros para selecionar os estudos a serem incluídos:

b. Critérios de Inclusão:

Estudos que contenham dados sobre a sequenciação de genes de cloroplastos de *Chloroleucon dumosum*. Artigos revisados por pares, teses e dissertações que abordem a biologia molecular e genética de *Chloroleucon dumosum*. Publicações disponíveis no NCBI.

c. Critérios de Exclusão:

Estudos que não tratem especificamente de *Chloroleucon dumosum*. Publicações que não estejam disponíveis em formato digital ou que não tenham sido revisadas por pares. Dados que não abordem sequências de genes de cloroplastos.

d. Estratégia de Busca



Para a busca de literatura relevante, será utilizada a string: "*Chloroleucon dumosum*" combinada com termos adicionais, como "chloroplast genes", "genome sequencing", "NCBI", e "molecular biology".

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Foram encontrados 13 genomas sequenciados de *Chloroleucon dumosum* que se encontravam em regiões intergênicas, é possível que algumas dessas regiões contenham sequências promotoras ou elementos de resposta que influenciam a transcriç de genes essenciais para a formação e manutenção dos cloroplastos. Por exemplo, genes associados à síntese de clorofilas, proteínas de membrana dos cloroplastos e enzimas envolvidas na fotossíntese podem ser regulados por elementos presentes nessas regiões intergênicas (QUEIROZ, 2009).

Além disso, as regiões intergênicas podem abrigar elementos de controle como enhancers e silencers, que modulam a atividade transcricional em resposta a sinais ambientais. Essa regulação é vital para a adaptação das plantas a diferentes condições de luz e nutrientes, afetando diretamente a eficiência fotossintética e, conseqüentemente, a produção de cloroplastos (LIERE; BÖRNER, 2007).

Os enhancers, que aumentam a taxa de transcrição de genes relacionados à biogênese dos cloroplastos, são particularmente relevantes na fotossíntese, um processo essencial para a sobrevivência das plantas. Em *Chloroleucon dumosum*, a presença de enhancers nas regiões intergênicas pode facilitar a ativação de genes críticos em resposta a variações na luz e nos nutrientes. Essa regulação é vital para a adaptação da planta, permitindo que ela maximize a eficiência fotossintética em diferentes ambientes (ROMBAUTS et al., 2003) .

Por outro lado, os silencers desempenham um papel igualmente crucial na regulação da expressão gênica. Ao inibir a transcrição de genes que não devem ser ativados sob certas condições, os silencers ajudam a evitar o gasto desnecessário de recursos celulares (HIRSCH; SPRINGER, 2017). Em ambientes onde os recursos são limitados, a capacidade de regular a



Revista da Universidade Estadual de Alagoas/UNEAL - e-ISSN 2318-454X
E-book ARAPIRACA NO CENTENÁRIO: QUAL A ÁRVORE QUE NOS REPRESENTA?
(Arapiraca in the centennial: which tree represents us?). (2026). Ed. Eduneal. Capítulo 6.

DOI <https://doi.org/10.48180/ambientale.v18i1.678>

expressão gênica de forma precisa pode ser a chave para a sobrevivência e a competitividade de *Chloroleucon dumosum* (ALMEIDA; SOUZA; QUEIROZ, 2015).

Além disso, a interação entre enhancers e silencers nas regiões intergênicas oferece uma rede complexa de controle sobre a expressão gênica. Essa dinâmica pode permitir que a planta responda rapidamente a mudanças ambientais, ajustando a produção de cloroplastos e outros processos metabólicos de acordo com as necessidades do momento. A regulação fina da expressão gênica em resposta a fatores externos é um aspecto vital para a adaptação e evolução das plantas (KUMMARI et al., 2020).

A compreensão das funções dessas regiões intergênicas em *Chloroleucon dumosum* não só amplia nosso conhecimento sobre a biologia desta espécie, mas também pode oferecer insights sobre os mecanismos de adaptação em plantas em geral. O estudo contínuo dessas interações pode revelar novas estratégias que as plantas utilizam para enfrentar desafios ambientais, contribuindo para o desenvolvimento de práticas de conservação e manejo sustentável (KUMMARI et al., 2020).

Em suma, a importância das regiões intergênicas, enhancers e silencers é fundamental para compreender como *Chloroleucon dumosum* regula sua expressão gênica e se adapta a uma variedade de condições ambientais. Essas descobertas abrem novas avenidas para a pesquisa em genética vegetal e biologia evolutiva, enfatizando a necessidade de investigar mais a fundo as complexas redes de regulação gênica nas plantas (DE QUEIROZ et al., 2017).

Foram identificados oito genomas sequenciados de *Chloroleucon dumosum* associados a transcritos de RNA ribossomal externo ressaltam a importância crítica desses elementos na biologia celular e na adaptação da planta. Os transcritos de rRNA são fundamentais para a formação dos ribossomos, que desempenham um papel vital na síntese de proteínas, essencial para o crescimento e desenvolvimento da planta.

Os rRNAs externos, como o 18S e o 26S, são altamente conservados entre diferentes espécies, o que os torna excelentes marcadores para estudos filogenéticos. A análise das sequências de rRNA pode revelar informações sobre as relações evolutivas de *Chloroleucon dumosum* com outras espécies de plantas, ajudando a traçar a história evolutiva do gênero e a



Revista da Universidade Estadual de Alagoas/UNEAL - e-ISSN 2318-454X
E-book ARAPIRACA NO CENTENÁRIO: QUAL A ÁRVORE QUE NOS REPRESENTA?
(Arapiraca in the centennial: which tree represents us?). (2026). Ed. Eduneal. Capítulo 6.

DOI <https://doi.org/10.48180/ambientale.v18i1.678>

entender os mecanismos de divergência e adaptação em resposta a pressões ambientais (BALDWIN, 1992).

Além disso, a expressão de transcritos de rRNA pode ser afetada por fatores ambientais, como disponibilidade de nutrientes e intensidade luminosa. Em condições de estresse, a planta pode ajustar a produção de rRNA para otimizar a síntese de proteínas essenciais à sua sobrevivência. Essa capacidade de adaptação é crucial para *Chloroleucon dumosum*, especialmente em habitats variados onde a competição por recursos é intensa (EMERSON, 2002). A regulação da expressão de rRNAs em resposta a tais condições destaca a flexibilidade metabólica da planta, permitindo-lhe prosperar em ambientes desafiadores.

A presença de múltiplos transcritos de rRNA também sugere uma organização genômica eficiente que permite a produção coordenada de ribossomos. Essa eficiência é fundamental, pois a síntese de proteínas é uma das atividades mais energeticamente custosas nas células. Portanto, a capacidade de *Chloroleucon dumosum* de regular a expressão de rRNAs de forma eficaz pode contribuir para sua competitividade e sucesso em diferentes ecossistemas (HORIGUCHI et al., 2012).

Em suma, a análise dos transcritos de RNA ribossomal externo nos genomas de *Chloroleucon dumosum* não apenas fornece insights sobre a biologia celular e a evolução da planta, mas também destaca a importância da regulação gênica na adaptação a condições ambientais. Essas descobertas podem ter implicações significativas para o entendimento da ecologia e conservação da espécie, bem como para futuras pesquisas em genética e biologia vegetal.

A sequenciação de sete transcritos de RNA ribossomal internos em *Chloroleucon dumosum* fornece uma visão valiosa sobre a biologia celular e a adaptação da planta a diferentes condições ambientais. Os rRNAs internos, como o 5.8S, 18S e 28S, são componentes essenciais dos ribossomos, desempenhando um papel crítico na síntese proteica, que é vital para o crescimento e desenvolvimento da planta.

Os transcritos de rRNA são fundamentais para a montagem dos ribossomos, a maquinaria celular responsável pela tradução do mRNA em proteínas. A presença desses rRNAs internos em *Chloroleucon dumosum* indica a capacidade da planta de manter uma



produção eficiente de proteínas, especialmente em resposta a desafios ambientais. A regulação da expressão desses rRNAs pode permitir que a planta ajuste a síntese proteica de acordo com as necessidades celulares, particularmente em condições de estresse, como falta de nutrientes ou variações na intensidade da luz (BYRNE, 2009).

A análise dos sete transcritos sequenciados também é significativa do ponto de vista evolutivo. Os rRNAs são altamente conservados entre diferentes organismos, tornando-os marcadores úteis para estudos filogenéticos. A presença desses transcritos em *Chloroleucon dumosum* pode facilitar a comparação com outras espécies, contribuindo para uma melhor compreensão das relações evolutivas dentro do gênero e suas adaptações a diferentes nichos ecológicos (BALDWIN, 1992). Essa análise filogenética pode revelar como as pressões ambientais moldaram a evolução das características morfológicas e fisiológicas da planta.

A inclusão de transcritos de rRNA internos na sequenciação genética também é crucial para a montagem de genomas de referência. A identificação precisa de rRNAs pode melhorar a qualidade da montagem do genoma, ajudando a identificar regiões conservadas e a organizar o genoma de maneira mais eficiente. Isso é particularmente importante em estudos que envolvem a análise de genomas complexos, onde a correta identificação de regiões codificantes e não codificantes é essencial para a compreensão da função gênica. (ZHANG et al., 2020)

Além disso, a análise dos sete transcritos de rRNA internos abre novas oportunidades para estudos funcionais. Técnicas como RNA-seq podem ser utilizadas para investigar como a expressão gênica em *Chloroleucon dumosum* responde a diferentes estímulos ambientais. Isso pode fornecer uma compreensão mais profunda da fisiologia da planta e das adaptações evolutivas que ela desenvolveu ao longo do tempo.

CONCLUSÃO

Embora o sequenciamento de alguns cloroplastos de *Chloroleucon dumosum* tenha proporcionado informações valiosas sobre a biologia e a genética desta planta, é evidente que um sequenciamento completo da espécie é necessário para explorar todo o seu potencial.



Revista da Universidade Estadual de Alagoas/UNEAL - e-ISSN 2318-454X
E-book ARAPIRACA NO CENTENÁRIO: QUAL A ÁRVORE QUE NOS REPRESENTA?
(Arapiraca in the centennial: which tree represents us?). (2026). Ed. Eduneal. Capítulo 6.

DOI <https://doi.org/10.48180/ambientale.v18i1.678>

Chloroleucon dumosum é uma planta pouco estudada cientificamente, e suas características únicas e adaptações a diferentes ambientes a tornam um objeto de interesse significativo para pesquisas futuras.

O centenário de Arapiraca, município brasileiro localizado em Alagoas, é um marco importante que ressalta a rica biodiversidade da região e a necessidade de preservação e valorização das espécies locais. A planta *Chloroleucon dumosum*, nativa da área, não só contribui para a diversidade ecológica, mas também possui relevância cultural e econômica para a comunidade local. O reconhecimento e a valorização dessa planta no contexto do centenário podem estimular iniciativas de pesquisa e conservação, promovendo a identidade e o patrimônio natural de Arapiraca.

Um sequenciamento abrangente de *Chloroleucon dumosum* permitirá não apenas a identificação de genes e elementos regulatórios importantes, mas também a compreensão de suas interações complexas e do papel que desempenham na adaptação e sobrevivência da planta. Além disso, essa iniciativa poderá revelar novos caminhos sobre a evolução do gênero e suas relações filogenéticas com outras espécies, contribuindo para o conhecimento geral da diversidade biológica.

O potencial de *Chloroleucon dumosum* vai além do acadêmico; suas propriedades podem ser exploradas em contextos como a agricultura sustentável, a conservação de espécies e o desenvolvimento de novas práticas de manejo ambiental. Portanto, a realização de um sequenciamento genético completo não só ampliará o conhecimento sobre esta planta, mas também poderá abrir novas oportunidades para sua utilização em diversas áreas, destacando a importância de investirmos em sua pesquisa e conservação, especialmente em um momento significativo como o centenário de Arapiraca.

REFERÊNCIAS:

ALMEIDA, P. D.; SOUZA, É. D.; QUEIROZ, L. D. Flora of Bahia: Leguminosae-Chloroleucon alliance (Mimosoideae: Ingeae). v., n., p., 2015.

BALDWIN, B. G. Phylogenetic utility of the internal transcribed spacers of nuclear ribosomal DNA in plants: an example from the Compositae. **Molecular phylogenetics and evolution**, v. 1, n. 1, p. 3-16, 1992.



Revista da Universidade Estadual de Alagoas/UNEAL - e-ISSN 2318-454X
E-book ARAPIRACA NO CENTENÁRIO: QUAL A ÁRVORE QUE NOS REPRESENTA?
(Arapiraca in the centennial: which tree represents us?). (2026). Ed. Eduneal. Capítulo 6.
DOI <https://doi.org/10.48180/ambientale.v18i1.678>

BYRNE, M. E. A role for the ribosome in development. **Trends in plant science**, v. 14, n. 9, p. 512-519, 2009.

CAVALCANTE, N. T.; CÂMARA, T.; FALCÃO, H. M.; ARNAN, X. The extrafloral nectary traits of woody plants in Brazil's Caatinga: describing an ecological spectrum. **Biological Journal of the Linnean Society**, v. 143, n. 2, p. bla090, 2024.

COSTA, T. L.; SAMPAIO, E. V.; FREITAS, A. D.; ARAÚJO, E. L.; CAMARGO, P. B.; SAMPAIO, R. M. Biological nitrogen fixation in young and old tropical forests under five contrasting edaphoclimatic conditions. **Nutrient Cycling in Agroecosystems**, v. 128, n. 2, p. 183-198, 2024.

DE QUEIROZ, L. P.; CARDOSO, D.; FERNANDES, M. F.; MORO, M. F. Diversity and evolution of flowering plants of the Caatinga domain. **Caatinga: the largest tropical dry forest region in South America**, v., n., p. 23-63, 2017.

DO NASCIMENTO MAGALHÃES, K.; GUARNIZ, W. A. S.; SÁ, K. M.; FREIRE, A. B.; MONTEIRO, M. P.; NOJOSA, R. T.; BIESKI, I. G. C.; CUSTÓDIO, J. B.; BALOGUN, S. O.; BANDEIRA, M. A. M. Medicinal plants of the Caatinga, northeastern Brazil: Ethnopharmacopeia (1980–1990) of the late professor Francisco José de Abreu Matos. **Journal of ethnopharmacology**, v. 237, n., p. 314-353, 2019.

EMERSON, B. Evolution on oceanic islands: molecular phylogenetic approaches to understanding pattern and process. **Molecular ecology**, v. 11, n. 6, p. 951-966, 2002.

HIRSCH, C. D.; SPRINGER, N. M. Transposable element influences on gene expression in plants. **Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Gene Regulatory Mechanisms**, v. 1860, n. 1, p. 157-165, 2017.

HORIGUCHI, G.; VAN LIJSEBETTENS, M.; CANDELA, H.; MICOL, J. L.; TSUKAYA, H. Ribosomes and translation in plant developmental control. **Plant Science**, v. 191, n., p. 24-34, 2012.

KUMAR, V.; JAIN, M. The CRISPR–Cas system for plant genome editing: advances and opportunities. **Journal of experimental botany**, v. 66, n. 1, p. 47-57, 2015.

KUMMARI, D.; PALAKOLANU, S. R.; KISHOR, P. K.; BHATNAGAR-MATHUR, P.; SINGAM, P.; VADEZ, V.; SHARMA, K. K. An update and perspectives on the use of promoters in plant genetic engineering. **Journal of biosciences**, v. 45, n., p. 1-24, 2020.

LIERE, K.; BÖRNER, T. Transcription of plastid genes. **Annual Plant Reviews Volume 29: Regulation of Transcription in Plants**, v., n., p. 184-224, 2007.



Revista da Universidade Estadual de Alagoas/UNEAL - e-ISSN 2318-454X
E-book ARAPIRACA NO CENTENÁRIO: QUAL A ÁRVORE QUE NOS REPRESENTA?
(Arapiraca in the centennial: which tree represents us?). (2026). Ed. Eduneal. Capítulo 6.

DOI <https://doi.org/10.48180/ambientale.v18i1.678>

MULO, P.; SAKURAI, I.; ARO, E.-M. Strategies for psbA gene expression in cyanobacteria, green algae and higher plants: from transcription to PSII repair. **Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Bioenergetics**, v. 1817, n. 1, p. 247-257, 2012.

POCZAI, P.; VARGA, I.; BELL, N. E.; HYVÖNEN, J. Genomics meets biodiversity: advances in molecular marker development and their applications in plant genetic diversity assessment. **The molecular basis of plant genetic diversity**, v. 30, n., p., 2012.

QUEIROZ, L. P. D. **Leguminosas da caatinga**: Universidad Estadual de Feira de Santana, 2009

ROMBAUTS, S.; FLORQUIN, K.; LESCOT, M.; MARCHAL, K.; ROUZÉ, P.; VAN DE PEER, Y. Computational approaches to identify promoters and cis-regulatory elements in plant genomes. **Plant physiology**, v. 132, n. 3, p. 1162-1176, 2003.

VERMA, D.; DANIELL, H. Chloroplast vector systems for biotechnology applications. **Plant physiology**, v. 145, n. 4, p. 1129-1143, 2007.

ZHANG, Y.; ZHANG, A.; LI, X.; LU, C. The role of chloroplast gene expression in plant responses to environmental stress. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 21, n. 17, p. 6082, 2020.