**Universidade de São Paulo
Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”**

**Análise do transcriptoma foliar de *Eucalyptus grandis* em resposta
às fertilizações potássica ou sódica sob condição hídrica normal ou
de restrição**

Hana Karina Pereira da Silva

Dissertação apresentada para obtenção do título de
Mestra em Ciências. Área de concentração:
Genética e Melhoramento de Plantas

**Piracicaba
2015**

Hana Karina Pereira da Silva
Engenheira Florestal

Análise do transcriptoma foliar de *Eucalyptus grandis* em resposta às fertilizações potássica ou sódica sob condição hídrica normal ou de restrição

Orientador:
Prof. Dr. **CARLOS ALBERTO LABATE**

Dissertação apresentada para obtenção do título de
Mestra em Ciências. Área de concentração:
Genética e Melhoramento de Plantas

Piracicaba
2015

DEDICATÓRIA

À minha família,

pelo amor e apoio incondicional

*e por acreditar e depositar esperança na minha capacidade e sonhos,
mesmo diante de todas adversidades surgidas em nossa trajetória de vida.*

Nós conseguimos vencer esta etapa!

*Continuarei lutando para empregar o conhecimento científico que obtive em busca de
um mundo melhor.*

AGRADECIMENTOS

À Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”;

Ao Professor Doutor Carlos Alberto Labate, pela oportunidade, orientação e confiança depositada em minha capacidade e em meu trabalho desde a iniciação científica;

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e ao Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” pela concessão da bolsa de mestrado;

Aos docentes e funcionários do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da ESALQ/USP;

Ao *Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement* (CIRAD/França), nas figuras de Bénédicte Favreau e Gilles Chaix, pela oportunidade de desenvolver este trabalho e auxílio;

À Livia Maria Franceschini pela agradável convivência, amizade e fundamental apoio durante as análises bioinformáticas;

Ao Professor Doutor Gabriel Rodrigues Alves Margarido do Depto. de Genética da ESALQ/USP, pelas valiosas sugestões nas análises bioinformáticas e estatísticas realizadas;

À Professora Doutora Maria Carolina Quecine Verdi do Depto. de Genética da ESALQ/USP, pelo coleguismo, conselhos e sugestões durante a elaboração deste trabalho;

À Professora Doutora Claudia Barros Monteiro Vitorello do Depto. de Genética da ESALQ/USP, pela disponibilização do uso do equipamento de espectrofotometria utilizado na etapa inicial deste trabalho;

Ao Laboratório Multiusuários Centralizado de Genômica Funcional Aplicada à Agropecuária e Agroenergia, em especial à Pilar D. Mariani e Gustavo Gasparin;

À grande amiga, mentora profissional e pessoal e exemplo de profissionalismo Ilara Gabriela Frasson Budzinski (Ilarina), pelos anos de convivência no laboratório, grande amizade, conselhos científicos e incentivos desde a minha iniciação científica;

Às amigas e companheiras de laboratório e disciplinas Sarina Tsui (Sasa) e Marisângela Rodrigues (Mari), pela amizade (dentro e fora do laboratório), horas de estudo e trabalhos, inúmeras risadas, desabafos e incentivo. Não poderia também esquecer do Felipe Pereira (“o Felipe da Mari”), pela amizade, risadas, almoços e conversas “estatísticas”. Realmente nós formamos o “quarteto fantástico”;

À todos os companheiros que já passaram pelo laboratório Max Feffer, em especial à Juliano Bragatto, Ana Paula Silveira, Gabriela B. Lavorente, Leonardo C. Ferreira, David Moon, Fernando Cotinguiba e Luis Felipe Boaretto, seja pelo suporte profissional e/ou agradável convivência desde à minha iniciação científica;

À todos os atuais companheiros de laboratório pela convivência harmoniosa: Mônica T. V. Labate, Felipe G. Marques, Andressa P. Bini, Ana Paula C. Pinto, Flávia Franco, Juliana G. Fonseca, Mariana S. e Silva, Simone G. Gonzalez, Maria Letícia Bonatelli e Nathalia Brancalleão. Cabe aqui um agradecimento especial à querida especialista de laboratório Thaís R. Cataldi, pelo companheirismo e momentos de risadas e desabafos e ao Fabrício E. de Moraes pelas nossas conversas “bioinformáticas”;

À Danielle Izilda Rodrigues da Silva (Dani) e Júlia Silva Morosini (Julinha), que passaram por este laboratório e tornaram-se queridas amigas para a vida, com as quais sempre obtenho incentivo e apoio para conquistar meus objetivos profissionais e pessoais;

À minha família e amigos que trago comigo desde à infância (em especial à minha amiga “quase linguista” Lais de Queiroz que checou a redação desta dissertação), pelo incentivo e apoio que obtive nos momentos de adversidade surgidos durante a elaboração desse trabalho;

À todos que de algum modo contribuíram para que este trabalho fosse elaborado;

Meu eterno “Muito Obrigada”!

EPÍGRAFE

"Que os vossos esforços desafiem as impossibilidades, lembrai-vos de que as grandes coisas do homem foram conquistadas do que parecia impossível"

Charles Chaplin

RESUMO

Análise do transcriptoma foliar de *Eucalyptus grandis* em resposta às fertilizações potássica ou sódica sob condição hídrica normal ou de restrição

No Brasil, o eucalipto é uma das principais fontes de matéria-prima para a produção de celulose e papel. A crescente demanda por sua madeira tem levado à expansão dos plantios florestais para regiões com déficit hídrico e baixa fertilidade do solo, resultando no interesse pela obtenção de plantas tolerantes às condições ambientais estressantes. Nas plantas, o déficit hídrico acarreta diversas respostas fisiológicas, bioquímicas e moleculares. Estudos fisiológicos observaram que plantas com um adequado suprimento de potássio (K^+) são mais tolerantes à seca. Contudo, na nutrição de algumas plantas, o sódio (Na^+) pode substituir parcialmente o K^+ . Como muitas áreas agricultáveis do mundo são deficientes em potássio, essa pode ser uma solução mais econômica para a fertilização dos plantios florestais. Assim, é de sumo interesse compreender à nível molecular os mecanismos de interação entre esses minerais com a água e suas consequências para o metabolismo da planta, visando a sustentabilidade dos plantios florestais e o desenvolvimento de programas de melhoramento genético florestal. Neste contexto, o presente trabalho objetivou realizar o estudo do transcriptoma foliar de *Eucalyptus grandis* visando identificar e categorizar funcionalmente transcritos diferencialmente expressos para os quais o efeito de interação entre os fatores fertilização e água foi significativo, considerando três regimes de fertilização (controle (C) ou fertilização com potássio (+K) ou sódio (+Na)) associados a dois regimes hídricos (sem exclusão da precipitação interna (+H₂O) ou 37% de exclusão da precipitação interna (-H₂O)). Transcritos relacionados às funções osmótica, fotossíntese e metabolismo do carbono foram selecionados para estudos mais detalhados. Para a análise do transcriptoma foi utilizada a técnica de RNA-Seq através da plataforma Illumina e diversos programas de bioinformática como o *Bowtie 2*, *TopHat*, pacote *DEseq2* (programa *R*) para as análises estatísticas e *Blast2GO* para anotação e a categorização funcional. Seis comparações estatísticas foram realizadas: (I) +K+H₂O vs C+H₂O, (II) +Na+H₂O vs C+H₂O, (III) +K+H₂O vs +Na+H₂O, (IV) +K-H₂O vs C-H₂O, (V) +Na-H₂O vs C-H₂O e (VI) +K-H₂O vs +Na-H₂O. Nas comparações entre os tratamentos +H₂O, transcritos relacionados ao metabolismo energético e ao processo biológico “Crescimento” foram mais abundantes em árvores fertilizadas com potássio e sódio. Nas comparações entre os tratamentos -H₂O, transcritos que podem estar relacionados ao ajuste osmótico e transcritos associados ao processo biológico “Resposta ao estresse” foram mais abundantes em árvores fertilizadas com potássio. Ainda, foram associados ao tratamento +K-H₂O transcritos que podem afetar a biossíntese da parede celular. Em ambos os regimes hídricos, transcritos associados ao fechamento estomático foram menos abundantes nas árvores fertilizadas com potássio. Verificou-se também que vias bioquímicas relacionadas ao metabolismo de açúcares e do carbono foram impactadas. Tais dados observados abrem novos caminhos para pesquisas futuras relacionadas à substituição parcial do potássio pelo sódio na fertilização de plantas, à melhor compreensão molecular do controle estomático e do metabolismo energético e à formação da parede celular influenciados por diferentes condições ambientais visando o melhoramento de tal espécie florestal.

Palavras-chave: Restrição hídrica; Fertilização potássica; Fertilização sódica; Transcriptômica; RNA-Seq

ABSTRACT

Leaf transcriptome analysis of *Eucalyptus grandis* in response to potassium or sodium fertilizations under normal or constraint water condition

In Brazil, eucalypts is one of the main sources of raw material to produce pulp and paper. The increasing demand for this wood has induced the expansion of forest plantations to lands presenting water deficit and low fertility soils, becoming interesting the obtainment of tolerant plants to stressful environmental conditions. In plants, water deficit causes several physiological, biochemical and molecular responses. Some physiological studies showed that plants with an adequate potassium (K^+) supply are more drought tolerant. Nevertheless, for the nutrition of some plants, sodium (Na^+) can partially replace the K^+ . As many agricultural fields in the world are potassium deficient, this can be a cheaper solution for forest plantations fertilization. Understanding at the molecular level the mechanisms of interaction between these minerals and water as well as its consequences for the plant metabolism is very important for the sustainability of forest plantations and the development of forest breeding programs. Thus, the present work aimed the study of *Eucalyptus grandis* leaf transcriptome to identify and functionally categorize differentially expressed transcripts for which the interaction effect between fertilization and water was significant, given three fertilization regimes (control (C), potassium fertilization (+K) or sodium fertilization (+Na)) associated to two water regimes (regime without throughfall exclusion (+H₂O) or regime with 37% of throughfall exclusion (-H₂O)). Transcripts related to osmotic functions, photosynthesis and carbon metabolism were selected for more detailed studies. RNA-seq via Illumina platform and many bioinformatic softwares, like Bowtie 2, TopHat, DEseq2 package for R (for statistical analyzes) and Blast2GO tool (for annotation and functional categorization) were used in the transcriptome analysis. Six statistical comparisons were performed: (I) +K+H₂O vs C+H₂O, (II) +Na+H₂O vs C+H₂O, (III) +K+H₂O vs +Na+H₂O, (IV) +K-H₂O vs C-H₂O, (V) +Na-H₂O vs C-H₂O and (VI) +K-H₂O vs +Na-H₂O. In the comparisons between +H₂O treatments, transcripts related to energetic metabolism and "Growth" biological process were more abundant in potassium or sodium fertilized trees. In the comparisons between -H₂O treatments, transcripts possibly associated to osmotic adjustment and transcripts related to "Response to stress" biological process were more abundant in potassium-fertilized trees. Besides, transcripts that could affect cell wall biosynthesis were associated to +K-H₂O treatment. In both water regimes, transcripts associated to stomatal closure were less abundant in potassium-fertilized trees. In addition, biochemical pathways related to carbohydrates and carbon metabolism were impacted. These data provide new perspectives for future researches related to partial replacement of potassium by sodium in plant fertilization, to a better molecular understanding of stomatal control and energetic metabolism and to the cell wall synthesis under different environmental conditions, aiming the breeding of this forest specie.

Keywords: Water constraint; Potassium fertilization; Sodium fertilization; Transcriptomics; RNA-Seq

1 INTRODUÇÃO

Originário da Austrália e da Indonésia, o eucalipto é atualmente uma das principais fontes de matéria-prima para produção de papel, todavia dada sua característica de uso múltiplo, pode ser utilizado também para a produção de carvão vegetal, móveis, pisos, revestimentos e na construção civil (ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE CELULOSE E PAPEL - BRACELPA, 2013).

Atualmente, os plantios de eucalipto ocupam aproximadamente 5,56 milhões de hectares no Brasil (INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES - IBÁ, 2015). Essa demanda crescente pela madeira de eucalipto pode ser refletida pelos inúmeros investimentos em pesquisa e melhoramento genético, objetivando elevar cada vez mais a produtividade das florestas plantadas, além da crescente expansão dos plantios florestais, inclusive em regiões com baixa pluviosidade e solos com baixa capacidade de retenção de umidade e baixa fertilidade (REIS, B.E., 2011; BRACELPA, 2013).

Diante dessa realidade da atual produção florestal brasileira e de um panorama de mudanças climáticas com projeções de diminuição do volume de chuvas em muitas regiões do Brasil, tornou-se de interesse o estudo de mecanismos de tolerância a estresses abióticos, tais como o frio, a salinidade e o déficit hídrico, e bióticos nas plantas (CONSELHO DE INFORMAÇÕES SOBRE BIOTECNOLOGIA - CIB, 2008; PORTAL BRASIL, 2013).

O estresse causado pelo déficit hídrico envolve diversas respostas fisiológicas, bioquímicas e moleculares nas plantas (ANJUM et al., 2011; XOCONOSTLE-CÁZARES et al., 2011), como por exemplo, a diminuição na taxa fotossintética, sendo que os níveis de tolerância podem variar entre as diferentes espécies vegetais (CHAVES et al., 2002; ANJUM et al., 2011). Ademais, a redução do potencial hídrico foliar induzido pela seca conduz ao fechamento estomático, que limita o fornecimento de CO_2 , diminuindo a concentração intracelular deste, e limitando a assimilação líquida, acarretando, assim, na redução do crescimento e da produtividade vegetal (CHAVES et al., 2002; ANJUM et al., 2011).

Existe ainda uma forte relação entre a regulação hídrica e a nutrição mineral de plantas. O potássio (K^+), de acordo com Wang et al. (2013), é um nutriente essencial para as plantas, sendo o cátion mais abundante nestas. Este nutriente tem papel essencial na ativação enzimática, síntese proteica, fotossíntese,

osmorregulação, movimento estomático, transporte floemático e resistência ao estresse (WANG et al., 2013). Nos solos brasileiros deficientes em K^+ , a fertilização com este mineral é utilizada para melhorar o crescimento das plantas (ALMEIDA et al., 2010; EPRON et al., 2011; BATTIE-LACLAU et al., 2014a). Além disso, plantas com um adequado suprimento de K^+ são mais resistentes à seca do que aquelas com deficiência deste nutriente (BENLLOCH-GONZÁLEZ et al., 2008). O aumento na severidade do estresse hídrico resulta em um correspondente aumento na demanda de K^+ para manter a fotossíntese e proteger os cloroplastos dos danos oxidativos (CAKMAK, 2005).

Em solos secos e, especialmente, em solos nos quais as plantas tem acesso limitado a outros nutrientes, tais como potássio (K), nitrogênio (N) e fósforo (P), quantidades reduzidas do cátion sódio (Na^+), podem ser benéficas para estas, podendo inclusive eliminar os sintomas da deficiência de K^+ (MUNNS; TESTER, 2008; WAKEEL et al., 2011). Desta forma, diferentemente do efeito tóxico bem conhecido que o Na^+ exerce nas plantas em solos salinos (MUNNS; TESTER, 2008; RENGASAMY, 2010), este cátion pode ser utilizado em pequenas quantidades para substituir o K^+ (SUBBARAO et al., 2003; WAKEEL et al., 2011).

Durante décadas, vários trabalhos avaliaram essa substituição na nutrição de plantas e constataram que, para algumas culturas, o Na^+ apresenta potencial para substituir o K^+ em funções não específicas, como por exemplo, na manutenção do equilíbrio osmótico (ALMEIDA et al., 2010; EPRON et al., 2011; WAKEEL et al., 2011; BATTIE-LACLAU et al., 2013).

Para o *E. grandis*, Battie-Laclau et al. (2013) observaram que árvores que receberam fertilização sódica apresentavam área foliar intermediária em relação às árvores que receberam fertilização potássica e árvores sem fertilização (árvores que não receberam fertilização com sódio ou potássio), o que deve resultar da capacidade do Na^+ substituir o K^+ em funções osmorregulatórias. Battie-Laclau et al. (2014b) observaram que a assimilação líquida de CO_2 e a condutância estomática em árvores fertilizadas com sódio foram intermediárias em relação às árvores fertilizadas com potássio e árvores sem fertilização (árvores que não receberam fertilização com sódio ou potássio), demonstrando, assim, uma capacidade de substituição parcial do K^+ pelo sódio na nutrição de árvores de *E. grandis*.

Considerando que os plantios de eucalipto estão expandindo para regiões de déficit hídrico e baixa fertilidade, que grandes áreas agrícolas do mundo são

deficientes em potássio, que o Na^+ pode substituir o K^+ em diferentes processos fisiológicos e que os fertilizantes sódicos são muito mais baratos do que os fertilizantes potássicos (SUBBARAO et al., 2003; RÖMHELD; KIRKBY, 2010; REIS, C.A., 2011; WAKEEL et al., 2011), torna-se de interesse o estudo dos mecanismos moleculares das interações entre esses dois minerais com a água, bem como suas consequências para o metabolismo da planta.

Neste contexto, explorações moleculares baseadas no transcriptoma e em ferramentas de alta sensibilidade para analisá-lo, tem fundamental papel na identificação de genes envolvidos nestes mecanismos de resposta.

O transcriptoma pode ser definido como o conjunto completo de transcritos de uma célula em um determinado estágio de desenvolvimento ou condição fisiológica (WANG; GERSTEIN; SNYDER, 2009). Submetida a condições de estresse a planta apresenta uma regulação transcricional específica, o que afeta seu transcriptoma. Tal estratégia visa à adaptação da planta sob rápidas mudanças ambientais (SODA; WALLACE; KARAN, 2015).

Deste modo, o estudo da expressão gênica por meio de técnicas adequadas torna possível catalogar todas as espécies de transcritos como mRNAs, ncRNAs e sRNAs, determinar a estrutura dos genes de transcrição em termos dos sítios 5' e 3', padrões de splice e de outras modificações pós-transcricionais, além de quantificar as variações nos níveis de expressão de cada transcrito durante o desenvolvimento e sob diferentes condições (WANG; GERSTEIN; SNYDER, 2009).

Uma das tecnologias desenvolvidas para deduzir e quantificar o transcriptoma é denominada RNA-Seq (WANG; GERSTEIN; SNYDER, 2009). Este método de alto desempenho é baseado no sequenciamento direto de transcritos (sob a forma de cDNA) e utiliza a tecnologia de sequenciamento de nova geração para produzir milhões de fragmentos curtos (*reads*) que variam em tamanho, dependendo do sistema utilizado. Duas das grandes vantagens deste método são a capacidade de detectar um número elevado de cópias de RNA por célula e a ausência quase total de ruídos (WANG; GERSTEIN; SNYDER, 2009; PINTO et al., 2011; RODRIGUES; MAFRA; MACHADO, 2013).

Aliar o uso dessa tecnologia ao uso de ferramentas bioinformáticas, tais como programas para garantir o controle de qualidade do sequenciamento, realizar o mapeamento das amostras contra o genoma de referência, determinar a expressão diferencial entre diferentes condições e categorizar funcionalmente os transcritos,

pode ser muito útil. Segundo Conesa et al. (2005), a categorização de genes em classes funcionais auxilia na compreensão do significado fisiológico de uma ampla gama de genes e avalia as diferenças funcionais entre os subgrupos de sequências.

Neste sentido, aplicar tal abordagem visando à compreensão dos processos fisiológicos e moleculares envolvidos nas respostas aos diferentes tipos de fertilização mineral e diferentes regimes hídricos é de suma importância para a sustentabilidade das florestas plantadas bem como para os programas de melhoramento genético florestal.

Tais análises realizadas neste trabalho podem contribuir para a geração de informações complementares a outros estudos, bem como estudos futuros baseados na biologia de sistemas, pois se trata de uma pesquisa desenvolvida em parceria entre a ESALQ/USP e o CIRAD/França (*Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour Le développement*), na qual o experimento em campo foi utilizado como fonte de dados para outras pesquisas nas áreas de ecofisiologia, anatomia e propriedades da madeira, transcriptômica de xilema, metabolômica e proteômica de folha e xilema. Ainda, este trabalho pode fornecer novas informações moleculares aos estudos de substituição de K^+ por Na^+ na fertilização de plantas.

2 OBJETIVO

Este trabalho teve como objetivo realizar o estudo do transcriptoma foliar de *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden visando identificar e categorizar funcionalmente transcritos diferencialmente expressos para os quais o efeito de interação entre os fatores fertilização e água foi significativo, considerando três regimes de fertilização (controle ou fertilização com potássio ou sódio) associados a dois regimes hídricos (sem exclusão da precipitação interna ou 37% de exclusão da precipitação interna). Os transcritos relacionados às funções osmótica, fotossíntese e metabolismo do carbono foram selecionados para estudos mais detalhados.

6 CONSIDERAÇÕES FINAIS

A utilização de abordagens “ômicas”, visando à compreensão dos processos fisiológicos e moleculares, envolvidos nas respostas às diferentes condições ambientais as quais a árvore está submetida, é de suma importância para a sustentabilidade das florestas plantadas bem como para os programas de melhoramento genético florestal. Estes aspectos são fundamentais uma vez que os plantios de eucalipto apresentam um relevante valor econômico e ambiental.

O presente trabalho permitiu, através do RNA-Seq de folhas de *E. grandis*, identificar e categorizar funcionalmente transcritos diferencialmente expressos para os quais o efeito da interação entre os fatores fertilização e água foi significativo, considerando três regimes de fertilização associados a dois regimes hídricos. Também foi possível realizar um estudo mais detalhado de transcritos relacionados às funções: osmótica, fotossíntese e metabolismo do carbono.

De modo geral, foi possível observar a predominância de transcritos exclusivos em relação às diferentes comparações, indicando que os efeitos da interação entre fertilização e água podem desencadear respostas específicas para cada tratamento.

Em contrapartida, o maior número de transcritos compartilhados ocorreu entre as comparações (I) e (II), ou seja, entre os tratamentos +K+H₂O e +Na+H₂O. Nestes tratamentos, foram observados vários transcritos relacionados ao metabolismo energético e crescimento, sugerindo que em condições não limitantes de água, a planta pode apresentar respostas em comum mediante a fertilização com potássio ou sódio. Tais observações são importantes quando se considera a possibilidade de substituição parcial do potássio pelo sódio na fertilização de plantas.

Para as comparações -H₂O, foi possível observar que os transcritos associados as proteínas que participam da eliminação de lesões no DNA, da conversão da sacarose em glicose e frutose, da tolerância ao estresse osmótico e à enzimas antioxidantes demonstraram uma maior abundância em relação ao tratamento +K-H₂O. Já os transcritos relacionados a via glicolítica e ao ciclo do ácido cítrico demonstraram uma menor abundância em relação a este mesmo tratamento. Estes dados demonstram a existência de uma relação entre um suprimento adequado de potássio e a habilidade das plantas em tolerarem o déficit hídrico.

Ainda para as comparações $-H_2O$, o tratamento $+K-H_2O$ apresentou a maior abundância de transcritos associados à biossíntese da parede celular. Tal observação pode fornecer novas perspectivas à pesquisas relacionadas à formação da parede celular influenciada por diferentes condições ambientais.

Outro ponto importante foi verificar que transcritos que podem estar associados ao fechamento estomático apresentaram uma menor abundância em relação aos tratamentos $+K+H_2O$ e $+K-H_2O$, justificando o fato de árvores que receberam fertilização potássica apresentarem maior condutância estomática e, conseqüentemente, maior taxa de assimilação líquida de CO_2 . Os dados observados sustentam o fato das vias bioquímicas associadas ao metabolismo de carbono terem sido impactadas, uma vez que a fertilização e a restrição hídrica afetam o metabolismo da planta, a qual para se adaptar à nova condição altera sua expressão gênica. Estes dados abrem caminho para estudos futuros mais detalhados de genes/ isoformas relacionadas ao metabolismo de carbono a fim de se obter maior compreensão sob a regulação de tal metabolismo, bem como a melhor compreensão do controle estomático à nível molecular, tendo em vista o melhoramento florestal.

Dado que a mesma área experimental está sendo utilizada para outros estudos abordando diferentes técnicas “ômicas” e tecidos, a integração de tais dados poderá resultar em novas informações sobre o comportamento da planta mediante diferentes condições hídricas e regimes de fertilização, fornecendo subsídio para o melhoramento florestal e estudos de substituição parcial do potássio pelo sódio na fertilização da planta.

REFERÊNCIAS

ALLEN, T.C.; CAGLE, P.T. Bioinformatics and omics. In: _____. **Basic concepts of molecular pathology**. New York: Springer, 2009. chap. 6, p. 55-60.

ALMEIDA, J.C.R.; LACLAU, J.P.; GONÇALVES, J.L.M.; RANGER, J.; SAINT-ANDRÉ, L. A positive growth response to NaCl applications in *Eucalyptus* plantations established on K-deficient soils. **Forest Ecology and Management**, Amsterdam, v. 259, n. 9, p. 1786-1795, 2010.

ANDERS, S.; HUBER, W. **Differential expression of RNA-Seq data at the gene level - the DESeq package**. 2013. Disponível em: <<http://www.bioconductor.org/packages/release/bioc/vignettes/DESeq/inst/doc/DESeq.pdf>>. Acesso em: 04 fev. 2015.

ANGELI, A.; BARRICHELO, L.E.G.; MÜLLER, P.H. **Indicações para escolha de espécies de *Eucalyptus***. 2005. Disponível em: <<http://www.ipef.br/identificacao/eucalyptus/indicacoes.asp>>. Acesso em: 25 jan. 2015.

ANJUM, S.A.; XIE, X.; WANG, L.; SALEEM, M.F.; MAN, C.; LEI, W. Morphological, physiological and biochemical responses of plants to drought stress. **African Journal of Agricultural Research**, Victoria Island, v. 6, n. 9, p. 2026-2032, 2011.

ASSOCIAÇÃO BRASILEIRA DE CELULOSE E PAPEL. Disponível em: <<http://www.bracelpa.org.br/bra2/?q=node/136>>. Acesso em: 10 ago. 2013.

BANCO DE DADOS CLIMÁTICOS DO BRASIL. Disponível em: <<http://www.bdclima.cnpm.embrapa.br/resultados/balanco.php?UF=&COD=353>>. Acesso em: 20 maio 2015.

BATTIE-LACLAU, P.; LACLAU, J.P.; BERI, C.; MIETTON, L.; MUNIZ, M.R.A.; ARENQUE, B.C.; PICCOLO, M.C.; JORDAN-MEILLE, L.; BOUILLET, J.P.; NOUVELLON, Y. Photosynthetic and anatomical responses of *Eucalyptus grandis* leaves to potassium and sodium supply in a field experiment. **Plant, Cell & Environment**, New York, v. 37, n. 1, p. 70-81, 2014a.

BATTIE-LACLAU, P.; LACLAU, J.P.; DOMEQ, J.C.; CHRISTINA, M.; BOUILLET, J.P.; PICCOLO, M.C.; GONÇALVES, J.L.M.; MOREIRA, R.M.; KRUSCHE, A.V.; BOUVET, J.M.; NOUVELLON, Y. Effects of potassium and sodium supply on drought-adaptive mechanisms in *Eucalyptus grandis* plantations. **New Phytologist**, Oxford, v. 203, n. 2, p. 401-413, 2014b.

BATTIE-LACLAU, P.; LACLAU, J.P.; PICCOLO, M.C.; ARENQUE, B.C.; BERI, C.; MIETTON, L.; MUNIZ, M.R.A.; JORDAN-MEILLE, L.; BUCKERIDGE, M.S.; NOUVELLON, Y.; RANGER, J.; BOUILLET, J.P. Influence of potassium and sodium nutrition on leaf area components in *Eucalyptus grandis* trees. **Plant and Soil**, The Hague, v. 371, n. 1/2, p. 19-35, 2013.

BEDON, F.; MAJADA, J.; FEITO, I.; CHAUMEIL, P.; DUPUY, J.W.; LOMENECH, A.M.; BARRE, A.; GION, J.M.; PLOMION, C. Interaction between environmental factors affects the accumulation of root proteins in hydroponically grown *Eucalyptus globulus* (Labill.). **Plant Physiology and Biochemistry**, Amsterdam, v. 49, n. 1, p. 69-76, 2011.

BENLLOCH-GONZÁLEZ, M.; ARQUERO, O.; FOURNIER, J.M.; BARRANCO, D.; BENLLOCH, M. K⁺ starvation inhibits water-stress-induced stomatal closure. **Journal of Plant Physiology**, Amsterdam, v. 165, n. 6, p. 623-630, 2008.

BINNS, D.; DIMMER, E.; HUNTLEY, R.; BARRELL, D.; O'DONOVAN, C.; APWEILER, R. QuickGO: a web-based tool for Gene Ontology searching. **Bioinformatics**, Oxford, v. 25, n. 22, p. 3045–3046, 2009.

BOWMAN, M.J.; PARK, W.; BAUER, P.J.; UDALL, J.A.; PAGE, J.T.; RANEY, J.; SCHEFFLER, B.E.; JONES, D.C.; CAMPBELL, B.T. RNA-Seq transcriptome profiling of upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.) root tissue under water-deficit stress. **Plos One**, San Francisco, v. 8, n. 12, p. e82634, 2013. Disponível em: <<http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0082634>>. Acesso em: 16 nov. 2014.

BRAY, E.A. Genes commonly regulated by water-deficit stress in *Arabidopsis thaliana*. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v. 55, n. 407, p. 2331–2341, 2004.

BROAD INSTITUTE. **A tutorial: genome-based RNA-Seq Analysis using the TUXEDO Package**. Disponível em: <ftp://ftp.broadinstitute.org/pub/users/bhaas/rnaseq_workshop/rnaseq_workshop_2014/Tuxedo_workshop_activities.pdf>. Acesso em: 11 ago. 2014.

CAKMAK, I. The role of potassium in alleviating detrimental effects of abiotic stresses in plants. **Journal of Plant Nutrition and Soil Science**, Weinheim, v. 168, n. 4, p. 521–530, 2005.

CAO, M.J.; WANG, Z.; WIRTZ, M.; HELL, R.; OLIVER, D.J.; XIANG, C.B. SULTR3;1 is a chloroplast-localized sulfate transporter in *Arabidopsis thaliana*. **The Plant Journal: for Cell and Molecular Biology**, Oxford, v. 73, n. 4, p. 607–616, 2013.

CAO, M.J.; WANG, Z.; ZHAO, Q.; MAO, J.; SPEISER, A.; WIRTZ, M.; HELL, R.; ZHU, J.K.; XIANG, C.B. Sulfate availability affects ABA levels and germination response to ABA and salt stress in *Arabidopsis thaliana*. **The Plant Journal: for Cell and Molecular Biology**, Oxford, v. 77, n. 4, p. 604–615, 2014.

CARVALHO, M.C.C.G.; SILVA, D.C.G. Sequenciamento de DNA de nova geração e suas aplicações na genômica de plantas. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 40, n. 3, p. 735-744, 2010.

CENTER FOR COMPUTATIONAL BIOLOGY. **TopHat. A spliced read mapper for RNA-Seq**. Disponível em: < <https://ccb.jhu.edu/software/tophat/manual.shtml> >. Acesso em: 08 jan. 2015.

CENTRO DE INTELIGÊNCIA EM FLORESTAS. **Eucalipto**. Disponível em: <<http://www.ciflorestas.com.br/texto.php?p=eucalipto>>. Acesso em: 10 ago. 2013.

CENTRO DE PESQUISAS METEOROLÓGICAS E CLIMÁTICAS APLICADAS À AGRICULTURA. Disponível em: <<http://www.cpa.unicamp.br/outras-informacoes/clima-dos-municipios-paulistas.html>>. Acesso em: 20 maio 2015.

CHANG, F.; GU, Y.; MA, H.; YANG, Z. AtPRK2 promotes ROP1 activation via RopGEFs in the control of polarized pollen tube growth. **Molecular Plant**, Oxford, v. 6, n. 4, p. 1187–1201, 2013.

CHAVES, M.M.; FLEXAS, J.; PINHEIRO, C. Photosynthesis under drought and salt stress: regulation mechanisms from whole plant to cell. **Annals of Botany**, Oxford, v. 103, n. 4, p. 551–560, 2009.

CHAVES, M.M.; PEREIRA, J.S.; MAROCO, J.; RODRIGUES, M.L.; RICARDO, C.P.P.; OSORIO M.L.; CARVALHO, I.; FARIA, T.; PINHEIRO, C. How plants cope with water stress in the field? Photosynthesis and growth. **Annals of Botany**, Oxford, v. 89, n. 7, p. 907–916, 2002.

CHEN, M.; THELEN, J.J. The plastid isoform of triose phosphate isomerase is required for the postgerminative transition from heterotrophic to autotrophic growth in arabidopsis. **The Plant Cell**, Rockville, v. 22, n. 1, p. 77–90, 2010.

CHO, H.Y.; LEE, C.; HWANG, S.G.; PARK, Y.C.; LIM, H.L.; JANG, C.S. Overexpression of the OsChl1 gene, encoding a putative laccase precursor, increases tolerance to drought and salinity stress in transgenic *Arabidopsis*. **Gene**, Amsterdam, v. 552, n. 1, p. 98–105, 2014.

CHU, H.H.; CHIECKO, J.; PUNSHON, T.; LANZIROTTI, A.; LAHNER, B.; SALT, D.E.; WALKER, E. L. Successful reproduction requires the function of *Arabidopsis* YELLOW STRIPE-LIKE1 and YELLOW STRIPE-LIKE3 metal-nicotianamine transporters in both vegetative and reproductive structures. **Plant Physiology**, Lancaster, v. 154, n. 1, p. 197–210, 2010.

CONESA, A.; GÖTZ, S. Blast2GO: A comprehensive suite for functional analysis in plant genomics. **International Journal of Plant Genomics**, v. 2008, article ID 619832, 12 p. 2008. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1155/2008/619832>>. Acesso em: 04 fev. 2015.

CONESA, A.; GÖTZ, S.; GARCÍA-GÓMEZ, J. M.; TEROL, J.; TALÓN, M.; ROBLES, M. Blast2GO: a universal tool for annotation, visualization and analysis in functional genomics research. **Bioinformatics**, Oxford, v. 21, n. 18, p. 3674–3676, 2005.

CONSELHO DE INFORMAÇÕES SOBRE BIOTECNOLOGIA. **Guia do eucalipto: oportunidades para um desenvolvimento sustentável**. 2008. Disponível em: <http://cib.org.br/wp-content/uploads/2011/10/Guia_do_Eucalipto_junho_2008.pdf>. Acesso em: 10 ago. 2013.

COSTA E SILVA, F.; SHVALEVA, A.; MAROCO, J.P.; ALMEIDA, M.H.; CHAVES, M.M.; PEREIRA, J.S. Responses to water stress in two *Eucalyptus globulus* clones differing in drought tolerance. **Tree Physiology**, Victoria, v. 24, n. 10, p. 1165–1172, 2004.

CRAMER, G.R.; URANO, K.; DELROT, S.; PEZZOTTI, M.; SHINOZAKI, K. Effects of abiotic stress on plants: a systems biology perspective. **BMC Plant Biology**, London, v. 11, n. 163, 2011. Disponível em: <<http://www.biomedcentral.com/1471-2229/11/163>>. Acesso em: 15 abr. 2015.

DANG, Z.H.; ZHENG, L.L.; WANG, J.; GAO, Z.; WU, S.B.; QI, Z.; WANG, Y.C. Transcriptomic profiling of the salt-stress response in the wild recretohalophyte *Reaumuria trigyna*. **BMC Genomics**, London, v.14, 2013. Disponível em: <<http://www.biomedcentral.com/1471-2164/14/29>>. Acesso em: 13 maio 2015.

DING, Y.; MA, Q. Characterization of a cytosolic malate dehydrogenase cDNA which encodes an isozyme toward oxaloacetate reduction in wheat. **Biochimie**, Paris, v. 86, n. 8, p. 509–518, 2004.

DONG, Y.; FAN, G.; ZHAO, Z.; DENG, M. Transcriptome expression profiling in response to drought stress in *Paulownia australis*. **International Journal of Molecular Sciences**, Basel, v. 15, n. 3, p. 4583-4607, 2014. Disponível em: <<http://www.mdpi.com/1422-0067/15/3/4583>>. Acesso em: 08 maio 2015.

DOSSA, D.; SILVA, H.D. da; BELLOTE, A.F.J.; RODIGHERI, H.R. **Produção e rentabilidade dos eucaliptos em empresas florestais**. Colombo: Embrapa Florestas, 2002. 4 p. (Comunicado Técnico, 83).

DUBOS, C.; STRACKE, R.; GROTEWOLD, E.; WEISSHAAR, B.; MARTIN, C.; LEPINIEC, L. MYB transcription factors in *Arabidopsis*. **Trends in Plant Science**, Kidlington, v. 15, n. 10, p. 573-581, 2010.

EPRON, D.; LACLAU, J.P.; ALMEIDA, J.C.R.; GONÇALVES, J.L.M.; PONTON, S.; SETTE JR., C.R.; DELGADO-ROJAS, J.S.; BOUILLET, J.P.; NOUVELLON, Y. Do changes in carbon allocation account for the growth response to potassium and sodium applications in tropical *Eucalyptus* plantations? **Tree Physiology**, Victoria, v. 31, p. 1–13, 2011.

ESTAÇÃO EXPERIMENTAL DE CIÊNCIAS FLORESTAIS DE ITATINGA.

Característica da área. Disponível em:

<<http://lcf.esalq.usp.br/estacoes/itatinga/caracteristicas.php>>. Acesso em: 07 mar. 2015.

FAROOQ, M.; WAHID, A.; KOBAYASHI, N.; FUJITA, D.; BASRA, S.M.A. Plant drought stress: effects, mechanisms and management. **Agronomy for Sustainable Development**, Paris, v. 29, n. 1, p. 185–212, 2009.

FASTQC. Disponível em:

<http://www.bioinformatics.nl/courses/RNAseq/FastQC_Manual.pdf>. Acesso em: 29 ago. 2014.

FERNANDES, E.T. **Fotossíntese e crescimento inicial de clones de eucalipto sob diferentes regimes hídricos**. 2012. 114 p. Dissertação (Mestrado em Fitotecnia) - Universidade Estadual do Sudoeste da Bahia, Vitória da Conquista, 2012.

GATTWARD, J.N.; ALMEIDA, A.A.F.; SOUZA JR., J.O.; GOMES, F.P.; KRONZUCKER, H. Sodium–potassium synergism in *Theobroma cacao*: stimulation of photosynthesis, water-use efficiency and mineral nutrition. **Physiologia Plantarum**, Copenhagen, v. 146, n. 3, p. 350–362, 2012.

GAUDILLERE, J.P.; BARCELO, M.O. Effets des facteurs hydriques et osmotiques sur la croissance des lalles de blé. **Agronomie**, Les Ulis, v. 10, n. 5, p. 423-432, 1990.

GHELIS, T.; BOLBACH, G.; CLODIC, G.; HABRICOT, Y.; MIGINIAC, E.; SOTTA, B.; JEANNETTE, E. Protein tyrosine kinases and protein tyrosine phosphatases are involved in abscisic acid-dependent processes in *Arabidopsis* seeds and suspension cells. **Plant Physiology**, Lancaster, v. 148, n. 3, p. 1668–1680, 2008.

GRATTAPAGLIA, D.; VAILLANCOURT, R.E.; SHEPHERD, M.; THUMMA, B.R.; FOLEY, W.; KÜLHEIM, C.; POTTS, B.M.; MYBURG, A.A. Progress in *Myrtaceae* genetics and genomics: *Eucalyptus* as the pivotal genus. **Tree Genetics & Genomes**, Heidelberg, v. 8, n. 3, p. 463–508, 2012.

GROVER, A. Plant chitinases: genetic diversity and physiological roles. **Critical Reviews in Plant Sciences**, Boca Raton, v. 31, n. 1, p. 57–73, 2012.

HA, J.H.; MOON, K.B.; KIM, M.S.; PARK, S.W.; HAHN, K.W.; JEON, J.H.; KIM, H.S. The laccase promoter of potato confers strong tuber-specific expression in transgenic plants. **Plant Cell, Tissue and Organ Culture**, The Hague, v. 120, n. 1, p. 57–68, 2015.

HANIN, M.; BRINI, F.; EBEL, C.; TODA, Y.; TAKEDA, S.; MASMOUDI, K. Plant dehydrins and stress tolerance: versatile proteins for complex mechanisms. **Plant Signaling & Behaviour**, Georgetown, v. 6, n. 10, p. 1503–1509, 2011.

HENDRICK, J.P.; HARTL, F.U. Molecular chaperone functions of heat-shock proteins. **Annual Review of Biochemistry**, Palo Alto, v. 62, p. 349-384, 1993.

HOTHORN, M.; WOLF, S.; ALOY, P.; GREINER, S.; SCHEFFZEK, K. Structural insights into the target specificity of plant invertase and pectin methylesterase inhibitory proteins. **The Plant Cell**, Rockville, v. 16, n. 12, p. 3437–3447, 2004.

ILLUMINA. **CASAVA v1.8.2**: user guide. 2011. Disponível em: <http://supportres.illumina.com/documents/myillumina/a557afc4-bf0e-4dad-9e59-9c740dd1e751/casava_userguide_15011196d.pdf>. Acesso em: 26 ago. 2014.

IMBEAUD, S.; GRAUDENS, E.; BOULANGER, V.; BARLET, X.; ZABORSKI, P.; EVENO, E.; MUELLER, O.; SCHROEDER, A.; AUFRAY, C. Towards standardization of RNA quality assessment using user-independent classifiers of microcapillary electrophoresis traces. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 33, n. 6, p. e56, 2005.

INDÚSTRIA BRASILEIRA DE ÁRVORES. **Ibá 2014**. Disponível em: <http://www.iba.org/shared/iba_2014_pt.pdf>. Acesso em: 24 mar. 2015.

_____. **Ibá 2015**. Disponível em: <http://www.iba.org/shared/iba_2015.pdf>. Acesso em 18 jun. 2015.

INSTITUTO AGRONÔMICO. **Informação sobre interpretação de análise de solo**. Disponível em: <<http://www.iac.sp.gov.br/produtoseservicos/analisedosolo/interpretacaoanalise.php>>. Acesso em: 07 mar. 2015.

JACOBS, A.L.; SCHÄR, P. DNA glycosylases: in DNA repair and beyond. **Chromosoma**, Wien, v. 121, n. 1, p. 1–20, 2012.

JARZYNIAK, K.M.; JASIŃSKI, M. Membrane transporters and drought resistance: a complex issue. **Frontiers in Plant Science**, Lausanne, v. 5, 2014. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.3389/fpls.2014.00687>>. Acesso em: 26 maio 2015.

KAKUMANU, A.; AMBAVARAM, M.M.R.; KLUMAS, C.; KRISHNAN, A.; BATLANG, U.; MYERS, E.; GRENE, R.; PEREIRA, A. Effects of drought on gene expression in maize reproductive and leaf meristem tissue revealed by RNA-Seq. **Plant Physiology**, Lancaster, v. 160, n. 2, p. 846–867, 2012.

KIM, T.H.; BOHMER, M.; HU, H.; NISHIMURA, N.; SCHROEDER, J.I. Guard cell signal transduction network: advances in understanding abscisic acid, CO₂, and Ca²⁺ signaling. **Annual Review of Plant Biology**, Palo Alto, v. 61, p. 561–591, 2010. Disponível em: <<http://www.annualreviews.org/doi/abs/10.1146/annurev-arplant-042809-112226>>. Acesso em: 15 abr. 2015.

KNOWLES, V.L.; MCHUGH, S.G.; HU, Z.Y.; DENNIS, D.T.; MIKI, B.L.; PLAXTON, W.C. Altered growth of transgenic tobacco lacking leaf cytosolic pyruvate kinase. **Plant Physiology**, Lancaster, v. 116, n. 1, p. 45–51, 1998.

KOPECKY, D.; MATUŠÍKOVÁ, I.; SZIDERICS, A. H.; TROGNITZ, F.; SPIEB, N.; STIERSCHNEIDER, M.; FLUCH, S. In silico search for drought-responsive genes in plants on the basis of scientific data: case study on poplar roots. **Acta Physiologiae Plantarum**, Warszawa, v. 35, n. 6, p. 1955–1966, 2013.

KRISHNASAMY, K.; BELL, R.; MA, Q. Wheat responses to sodium vary with potassium use efficiency of cultivars. **Frontiers in Plant Science**, Lausanne, v. 5, article 631, p. 1–10, 2014. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.3389/fpls.2014.00631>>. Acesso em: 15 abr. 2015.

KWAK, J.M.; MORI, I.C.; PEI, Z.M.; LEONHARDT, N.; TORRES, M.A.; DANGL, J.L.; BLOOM, R.E.; BODDE, S.; JONES, J.D.; SCHROEDER, J.I. NADPH oxidase *AtrbohD* and *AtrbohF* genes function in ROS-dependent ABA signaling in *Arabidopsis*. **The EMBO Journal**, Eynsham, v. 22, n. 11, p. 2623–2633, 2003.

LACLAU, J.P.; ALMEIDA, J.C.R.; GONÇALVES, J.L.M.; SAINT-ANDRÉ, L.; VENTURA, M.; RANGER, J.; MOREIRA, R.M.; NOUVELLON, Y. Influence of nitrogen and potassium fertilization on leaf lifespan and allocation of above-ground growth in *Eucalyptus* plantations. **Tree Physiology**, Victoria, v. 29, n. 1, p. 111–124, 2009.

LANGMEAD, B.; SALZBERG, S.L. Fast gapped-read alignment with Bowtie 2. **Nature Methods**, New York, v. 9, n. 4, p. 357–359, 2012.

LANGMEAD, B.; TRAPNELL, C.; POP, M.; SALZBERG, S.L. Ultrafast and memory-efficient alignment of short DNA sequences to the human genome. **Genome Biology**, London, v. 10, n. 3, p. R25, 2009. Disponível em: <<http://genomebiology.com/2009/10/3/R25>>. Acesso em: 16 jan. 2015.

LEHTI-SHIU, M.D.; SHIU, S. H. Diversity, classification and function of the plant protein kinase superfamily. **Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological sciences**, London, v. 367, n. 1602, p. 2619–2639, 2012.

LI, C.; BERNINGER, F.; KOSKELA, J.; SONNINEN, E. Drought responses of *Eucalyptus microtheca* provenances depend on seasonality of rainfall in their place of origin. **Australian Journal of Plant Physiology**, Collingwood, v. 27, n. 3, p. 231–238, 2000.

LI, H.; HANDSAKER, B.; WYSOKER, A.; FENNELL, T.; RUAN, J.; HOMER, N.; MARTH, G.; ABECASIS, G.; DURBIN, R. 1000 genome project data processing subgroup: the sequence alignment/map format and samtools. **Bioinformatics**, Oxford, v. 25, n. 16, p. 2078–2079, 2009.

LI, J.; BAROJA-FERNÁNDEZ, E.; BAHAJI, A.; MUNÓZ, F.J.; OVECKA, M.; MONTERO, M.; SESMA, M.T.; ALONSO-CASAJÚS, N.; ALMAGRO, G.; SÁNCHEZ-LÓPEZ, A.M.; HIDALGO, M.; ZAMARBIDE, M.; POZUETA-ROMERO, J. Enhancing sucrose synthase activity results in increased levels of starch and ADP-Glucose in maize (*Zea mays* L.) seed endosperms. **Plant & Cell Physiology**, Tokyo, v. 54, n. 2, p. 282–294, 2013.

LIAO, Y.; SMYTH, G.K.; SHI, W. The subread aligner: fast, accurate and scalable read mapping by seed-and-vote. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 41, n. 10, p. e108, 2013. Disponível em: <<http://nar.oxfordjournals.org/content/41/10/e108.long>>. Acesso em: 13 jan. 2015.

LIU, L.; SHANG-GUAN, K.; ZHANG, B.; LIU, X.; YAN, M.; ZHANG, L.; SHI, Y.; ZHANG, M.; QIAN, Q.; LI, J.; ZHOU, Y. Brittle Culm1, a COBRA-like protein, functions in cellulose assembly through binding cellulose microfibrils. **PLoS Genetics**, San Francisco, v. 9, n. 8, p. e1003704, 2013. Disponível em: <<http://journals.plos.org/plosgenetics/article?id=10.1371/journal.pgen.1003704>>. Acesso em: 04 maio 2015.

LO BIANCO, R.; RIEGER, M.; SUNG, S.J.S. Effect of drought on sorbitol and sucrose metabolism in sinks and sources of peach. **Physiologia Plantarum**, Copenhagen, v. 108, n. 1, p. 71–78, 2000.

LOPES, J.L.W. **Qualidade de mudas clonais do híbrido de *Eucalyptus grandis* vs. *Eucalyptus urophylla*, submetidas a diferentes regimes hídricos**. 2008. 181 p. Tese (Doutorado em Irrigação e Drenagem) - Faculdade de Ciências Agrônômicas, Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, Botucatu, 2008.

LORENZI, H.; SOUZA, H.M.; TORRES, M.A.V.; BACHER, L.B. **Árvores exóticas no Brasil: madeireiras, ornamentais e aromáticas**. Nova Odessa: Instituto Plantarum de Estudos da Flora, 2003. 368 p.

LOVE, M.; ANDERS, S.; HUBER, W. **Differential analysis of count data - the DESeq2 package**. 2014. Disponível em: <<http://www.bioconductor.org/packages/release/bioc/vignettes/DESeq2/inst/doc/DESeq2.pdf>>. Acesso em: 19 jan. 2015.

MARTIN, M. Cutadapt removes adapter sequences from high-throughput sequencing reads. **EMBnet.journal**, Uppsala, v. 17, n. 1, p. 10-12, 2011. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.14806/ej.17.1.200>>. Acesso em: 06 jan. 2015.

MÄSER, P.; GIERTH, M.; SCHROEDER, J.I. Molecular mechanisms of potassium and sodium uptake in plants. **Plant and Soil**, The Hague, v. 247, n. 1, p. 43–54, 2002.

MEYER, E.; ASPINWALL, M.J.; LOWRY, D.B.; PALACIO-MEJÍA, J.D.; LOGAN, T.L.; FAY, P.A.; JUENGER, T.E. Integrating transcriptional, metabolomic, and physiological responses to drought stress and recovery in switchgrass (*Panicum virgatum* L.). **BMC Genomics**, London, v. 15, n. 1, 2014. Disponível em: <<http://www.biomedcentral.com/1471-2164/15/527>>. Acesso em: 07 maio 2015.

MHAMDI, A.; QUEVAL, G.; CHAOUCH, S.; VANDERAUWERA, S.; VAN BREUSEGEM, F.; NOCTOR, G. Catalase function in plants: a focus on *Arabidopsis* mutants as stress-mimic models. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v. 61, n. 15, p. 4197–4220, 2010.

MINÁRIK, P.; TOMÁŠKOVÁ, N.; KOLLÁROVÁ, M.; ANTALÍK, M. Malate dehydrogenases: structure and function. **General Physiology and Biophysics**, Bratislava, v. 21, n. 3, p. 257-265, 2002.

MINIC, Z.; JOUANIN, L. Plant glycoside hydrolases involved in cell wall polysaccharide degradation. **Plant Physiology and Biochemistry**, Amsterdam, v. 44, n. 7/9, p. 435–449, 2006.

MORA, A.L.; GARCIA, C.H. **A cultura do eucalipto no Brasil**. 2000. Disponível em: <http://www.ipef.br/publicacoes/a_cultura_do_eucalipto_no_Brasil/>. Acesso em: 10 ago. 2013.

MORGAN, P.W.; DREW, M.C. Ethylene and plant responses to stress. **Physiologia Plantarum**, Copenhagen, v. 100, n. 3, p. 620-630, 1997.

MUELLER, O.; LIGHTFOOT, S.; SCHROEDER, A. **RNA Integrity Number (RIN) standardization of RNA quality control**. 2004. Disponível em: <<http://www.chem.agilent.com/Library/applications/5989-1165EN.pdf>>. Acesso em: 09 jun. 2015.

MUNNS, R.; TESTER, M. Mechanisms of salinity tolerance. **Annual Review of Plant Biology**, Palo Alto, v. 59, p. 651–681, 2008.

MYBURG, A.A.; GRATTAPAGLIA, D.; TUSKAN, G.A.; HELLSTEN, U.; HAYES, R.D.; GRIMWOOD, J.; JENKINS, J.; LINDQUIST, E.; TICE, H.; BAUER, D.; GOODSTEIN, D.M.; DUBCHAK, I.; POLIAKOV, A.; MIZRACHI, E.; KULLAN, A.R.K.; HUSSEY, S.G.; PINARD, D.; VAN DER MERWE, K.; SINGH, P.; VAN JAARSVELD, I.; SILVA-JUNIOR, O.B.; TOGAWA, R.C.; PAPPAS, M.R.; FARIA, D.A.; SANSALONI, C.P.; PETROLI, C.D.; YANG, X.; RANJAN, P.; TSCHAPLINSKI, T.J.; YE, C.Y.; LI, T.; STERCK, L.; VANNESTE, K.; MURAT, F.; SOLER, M.; SAN CLEMENTE, H.; SAIDI, N.; CASSAN-WANG, H.; DUNAND, C.; HEFER, C.A.; BORNBERG-BAUER, E.; KERSTING, A.R.; VINING, K.; AMARASINGHE, V.; RANIK, M.; NAITHANI, S.; ELSE, J.; BOYD, A.E.; LISTON, A.; SPATAFORA, J.W.; DHARMWARDHANA, P.; RAJA, R.; SULLIVAN, C.; ROMANEL, E.; ALVES-FERREIRA, M.; KÜLHEIM, C.; FOLEY, W.; CAROCHA, V.; PAIVA, J.; KUDRNA, D.; BROMMONSCHENKEL, S.H.; PASQUALI, G.; BYRNE, M.; RIGAULT, P.; TIBBITS, J.; SPOKEVICIUS, A.; JONES, R.C.; STEANE, D.A.; VAILLANCOURT, R.E.; POTTS, B.M.; JOUBERT, F.; BARRY, K.; PAPPAS JR., G.J.; STRAUSS, S.H.; JAISWAL, P.; GRIMA-PETTENATI, J.; SALSE, J.; VAN DE PEER, Y.; ROKHSAR, D.S.; SCHMUTZ, J. The genome of *Eucalyptus grandis*. **Nature**, London, v. 510, p. 356-362, 2014.

MYBURG, Z.; GRATTAPAGLIA, D.; POTTS, B.; LABATE, C.; BOSSINGER, G.; BYRNE, M.; VAILLANCOURT, R.; SEDEROFF, R.; SOUTHERTON, S. **Sequencing of the *Eucalyptus* genome**: a proposal to DOE-JGI. 2006. Disponível em: <<http://www.seralliance.com/enews/vol3no6/pdfs/proposal.pdf>>. Acesso em: 25 mar. 2014.

OLIVEROS, J.C. **VENN**: an interactive tool for comparing lists with Venn Diagrams. 2007. Disponível em: <<http://bioinfogp.cnb.csic.es/tools/venny/index.html>>. Acesso em: 10 abr. 2015.

PATEL, R.K.; JAIN, M. NGS QC Toolkit: a toolkit for quality control of next generation sequencing data. **PLoS ONE**, San Francisco, v. 7, n. 2, p. e30619, 2012. Disponível em: <<http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0030619>>. Acesso em: 07 jan. 2015.

PHYTOZOME. Disponível em: <<http://www.phytozome.net/eucalyptus.php>>. Acesso em: 25 mar. 2014.

PINTO, A.C.; MELO-BARBOSA, H.P.; MIYOSHI, A.; SILVA, A.; AZEVEDO, V. Application of RNA-seq to reveal the transcript profile in bacteria. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 10, n. 3, p. 1707-1718, 2011.

PORTAL BRASIL. Disponível em: <<http://www.brasil.gov.br/sobre/meio-ambiente/climas/mudancas-climaticas>>. Acesso em: 03 set. 2013.

REIS, B.E. **Expressão de genes relacionados à tolerância do eucalipto à seca influenciada pelo boro**. 2011. 42 p. Dissertação (Mestrado em Solos e Nutrição de Plantas), Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, 2011.

REIS, C.A. **Novas fronteiras**: a visão da ABRAF. 2011. Disponível em: <<http://www.revistaopinioes.com.br/cp/materia.php?id=742>>. Acesso em: 10 ago. 2013.

RENGASAMY, P. Soil processes affecting crop production in salt-affected soils. **Functional Plant Biology**, Collingwood, v. 37, n. 7, p. 613–620, 2010.

REVISTA DA MADEIRA. **O eucalipto e suas origens**. 2001. Disponível em: <http://www.remade.com.br/br/revistadamadeira_materia.php?num=20&subject=Origens&title=O%20Eucalipto%20e%20Suas%20Origens>. Acesso em: 10 ago. 2013.

RODRIGUES, C.M.; MAFRA, V.; MACHADO, M.A. Transcriptômica. In: BORÉM, A.; FRITSCHÉ-NETO, R. (Ed.). **Ômicas 360**: aplicações e estratégias para o melhoramento de plantas. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2013. cap. 5, p. 95-122.

RODRÍGUEZ-NAVARRO, A.; RUBIO F. High-affinity potassium and sodium transport systems in plants. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v. 57, n. 5, p. 1149–1160, 2006.

ROITSCH, T.; BALIBREA, M.E.; HOFMANN, M.; PROELS, R.; SINHA, A.K. Extracellular invertase: key metabolic enzyme and PR protein. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v. 54, n. 382, p. 513-524, 2003.

RÖMHELD, V.; KIRKBY, E.A. Research on potassium in agriculture: needs and prospects. **Plant and Soil**, The Hague, v. 335, n. 1/2, p. 155–180, 2010.

SANTOS, C.V.; LAUGIERA, E.; TARRAGOA, L.; MASSOT, V.; ISSAKIDIS-BOURGUET, E.; ROUHIER, N.; REY, P. Specificity of thioredoxins and glutaredoxins as electron donors to two distinct classes of *Arabidopsis* plastidial methionine sulfoxide reductases B. **FEBS Letters**, Amsterdam, v. 581, n. 23, p. 4371–4376, 2007.

SCHACHTMAN, D.P.; GOODGER, J.Q.D. Chemical root to shoot signaling under drought. **Trends in Plant Science**, Kidlington, v. 13, n. 6, p. 281–287, 2008.

SCHLUNK, I.; KRAUSE, K.; WIRTH, S.; KOTHE, E. A transporter for abiotic stress and plant metabolite resistance in the ectomycorrhizal fungus *Tricholoma vaccinum*. **Environmental Science and Pollution Research international**, Berlin, DOI 10.1007/s11356-014-4044-8. 2015. Disponível em: <<http://link.springer.com/article/10.1007%2Fs11356-014-4044-8>>. Acesso em: 27 abr. 2015.

SERVIÇO DE ESTAÇÕES EXPERIMENTAIS. Disponível em: <http://www.esalq.usp.br/svee/ltatinga/itatinga_area.htm>. Acesso em: 07 mar. 2015.

SHANKAR, A.; SINGH, A.; KANWAR, P.; SRIVASTAVA, A.K.; PANDEY, A.; SUPRASANNA, P.; KAPOOR, S.; PANDEY, G.K. Gene expression analysis of rice seedling under potassium deprivation reveals major changes in metabolism and signaling components. **Plos One**, San Francisco, v. 8, n. 7, p. e70321, 2013. Disponível em: <<http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0070321>>. Acesso em: 12 maio 2015.

SHAO, H.B.; CHU, L.Y.; JALEEL, C.A.; ZHAO, C.X. Water-deficit stress-induced anatomical changes in higher plants. **Comptes Rendus Biologies**, Paris, v. 331, n. 3, p. 215–225, 2008.

SHARMA, S.; MUSTAFIZ, A.; SINGLA-PAREEK, S.L.; SRIVASTAVA, P.S.; SOPORY, S.K. Characterization of stress and methylglyoxal inducible triose phosphate isomerase (OscTPI) from rice. **Plant Signaling & Behavior**, Georgetown, v. 7, n. 10, p. 1337–1345, 2012.

SHINOZAKI, K.; YAMAGUCHI-SHINOZAKI, K. Gene networks involved in drought stress response and tolerance. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v. 58, n. 2, p. 221–227, 2007.

SILVA, L.F.; LIMA, A.M.L.P.; SILVA FILHO, D.F.; ZARATE DO COUTO, H.T. Precipitação interna e interceptação da chuva em duas espécies arbóreas urbanas. **Revista da Sociedade Brasileira de Arborização Urbana**, Piracicaba, v. 4, n. 3, p. 32–48, 2009. Disponível em: <http://www.revsbau.esalq.usp.br/artigos_cientificos/artigo91.pdf>. Acesso em: 01 jun. 2015.

SKIRYCZ, A.; INZÉ, D. More from less: plant growth under limited water. **Current Opinion in Biotechnology**, London, v. 21, n. 2, p. 197–203, 2010.

SODA, N.; WALLACE, S.; KARAN, R. Omics study for abiotic stress responses in plants. **Advances in Plants & Agriculture Research**, Edmond, v. 2, n. 1, p. 1-7, 2015.

SONG, Y.; CI, D.; TIAN, M.; ZHANG, D. Comparison of the physiological effects and transcriptome responses of *Populus simonii* under different abiotic stresses. **Plant Molecular Biology**, The Hague, v. 86, n. 1/2, p. 139–156, 2014.

STEPANSKY, A.; GALILI, G. Synthesis of the *Arabidopsis* bifunctional Lysine-Ketoglutarate Reductase/Saccharopine dehydrogenase enzyme of lysine catabolism is concertedly regulated by metabolic and stress-associated signals. **Plant Physiology**, Lancaster, v. 133, n. 3, p. 1407–1415, 2003.

SUBBARAO, G.V.; ITO, O.; BERRY, W.L.; WHEELER, R.M. Sodium: a functional plant nutrient. **Critical Reviews in Plant Sciences**, Boca Raton, v. 22, n. 5, p. 391–416, 2003.

TAKAGI, D.; INOUE, H.; ODAWARA, M.; SHIMAKAWA, G.; MIYAKE, C. The Calvin cycle inevitably produces sugar-derived reactive carbonyl methylglyoxal during photosynthesis: a potential cause of plant diabetes. **Plant & Cell Physiology**, Tokyo, v. 55, n. 2, p. 333–340, 2014.

THERMO SCIENTIFIC. **Assessment of nucleic acid purity**. (Technical Bulletin NanoDrop Spectrophotometers, T042). Disponível em: <<http://www.nanodrop.com/Library/T042-NanoDrop-Spectrophotometers-Nucleic-Acid-Purity-Ratios.pdf>>. Acesso em: 09 jun. 2015.

THUMMA, B.R.; SHARMA, N.; SOUTHERTON, S.G. Transcriptome sequencing of *Eucalyptus camaldulensis* seedlings subjected to water stress reveals functional single nucleotide polymorphisms and genes under selection. **BMC Genomics**, London, v. 13, 2012. Disponível em: <<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC3472208/>>. Acesso em: 23 nov. 2014.

TIMPERIO, A.M.; EGIDI, M.G.; ZOLLA, L. Proteomics applied on plant abiotic stresses: role of heat shock proteins (HSP). **Jornal of Proteomics**, Amsterdam, v. 71, n. 4, p. 391-411, 2008.

TRAPNELL, C.; ROBERTS, A.; GOFF, L.; PERTEA, G.; KIM, D.; KELLEY, D.R.; PIMENTEL, H.; SALZBERG, S.L.; RINN, J.L.; PACHTER, L. Differential gene and transcript expression analysis of RNA-seq experiments with TopHat and Cufflinks. **Nature Protocols**, London, v.7, n.3, p. 562-578, 2012. Disponível em: <<http://www.nature.com/nprot/journal/v7/n3/full/nprot.2012.016.html>>. Acesso em: 08 janeiro 2015.

VELLINI, A.L.T.T.; DE PAULA, N.F.; ALVES, P.L.C.A.; PAVANI, L.C.; BONINE, C.A.V.; SCARPINATI, E.A.; DE PAULA, R.C. Respostas fisiológicas de diferentes clones de eucalipto sob diferentes regimes de irrigação. **Revista Árvore**, Viçosa, v. 32, n. 4, p. 651-663, 2008.

VENTRIGLIA, T.; KUHN, M.L.; RUIZ, M.T.; RIBEIRO-PEDRO, M.; VALVERDE, F.; BALLICORA, M.A.; PREISS, J.; ROMERO, J.M. Two *Arabidopsis* ADP-Glucose Pyrophosphorylase Large Subunits (APL1 and APL2) are catalytic. **Plant Physiology**, Lancaster, v. 148, n. 1, p. 65–76, 2008.

VERSLUES, P.E.; SHARMA, S. Proline metabolism and its implications for plant-environment interaction. **The Arabidopsis Book**, Rockville, v. 8, p. e0140, 2010. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1199/tab.0140>>. Acesso em: 10 ago. 2013.

WAKAO, S.; ANDRE, C.; BENNING, C. Functional analyses of cytosolic Glucose-6-Phosphate dehydrogenases and their contribution to seed oil accumulation in *Arabidopsis*. **Plant Physiology**, Lancaster, v. 146, n. 1, p. 277–288, 2008.

WAKEEL, A.; FAROOQ, M.; QADIR, M.; SCHUBERT, S. Potassium substitution by sodium in plants. **Critical Reviews in Plant Sciences**, Boca Raton, v. 30, n. 4, p. 401–413, 2011.

WANG, D.; PORTIS, A.R. JR. A novel nucleus-encoded chloroplast protein, PIFI, is involved in NAD(P)H dehydrogenase complex-mediated chlororespiratory electron transport in *Arabidopsis*. **Plant Physiology**, Lancaster, v. 144, n. 4, p. 1742–1752, 2007.

WANG, M.; ZHENG, Q.; SHEN, Q.; GUO, S. The critical role of potassium in plant stress response. **International Journal of Molecular Sciences**, Basel, v. 14, n. 4, p. 7370-7390, 2013.

WANG, Z.; GERSTEIN, M.; SNYDER, M. RNA-Seq: a revolutionary tool for transcriptomics. **Nature Reviews. Genetics**, London, v. 10, n. 1, p. 57-63, 2009.

WARREN, C.R.; ARANDA, I.; CANO, F.J. Metabolomics demonstrates divergent responses of two *Eucalyptus* species to water stress. **Metabolomics**, Los Angeles, v. 8, n. 2, p. 186-200, 2012.

WORMIT, A.; TRENTMANN, O.; FEIFER, I.; LOHR, C.; TJADEN, J.; MEYER, S.; SCHMIDT, U.; MARTINOIA, E.; NEUHAUS, H.E. Molecular identification and physiological characterization of a novel monosaccharide transporter from *Arabidopsis* involved in vacuolar sugar transport. **The Plant Cell**, Rockville, v. 18, n. 12, p. 3476–3490, 2006.

WU, H.; WANG, C.; WU, Z. A new shrinkage estimator for dispersion improves differential expression detection in RNA-seq data. **Biostatistics**, Oxford, v. 14, n. 2, p. 232–243, 2013.

XOCONOSTLE-CÁZARES, B.; RAMÍREZ-ORTEGA, F.A.; FLORES-ELENES, L.; RUIZ-MEDRANO, R. Drought tolerance in crop plants. **American Journal of Plant Physiology**, New York, v. 5, p. 1-16, 2011.

YANG, Y.; FU, Z.; SU, Y.; ZHANG, X.; LI, G.; GUO, J.; QUE, Y.; XU, L. A cytosolic glucose-6-phosphate dehydrogenase gene, ScG6PDH, plays a positive role in response to various abiotic stresses in sugarcane. **Scientific Reports**, London, v. 4, 2014. Disponível em:

<<http://www.nature.com/srep/2014/141118/srep07090/full/srep07090.html>>. Acesso em: 23 abr. 2015.

YUE, X.; ZHAO, X.Y.; FEI, Y.; ZHANG, X. Correlation of aquaporins and transmembrane solute transporters revealed by Genome-Wide analysis in developing maize leaf. **Comparative and Functional Genomics**, Cairo, v. 2012, article ID 546930, p. 1-14, 2012. Disponível em:

<<http://dx.doi.org/10.1155/2012/546930>>. Acesso em: 15 abr. 2015.

ZENG, J.; HE, X.; WU, D.; ZHU, B.; CAI, S.; NADIRA, U. A.; JABEEN, Z.; ZHANG, G. Comparative transcriptome profiling of two Tibetan wild barley genotypes in responses to low potassium. **Plos One**, San Francisco, v. 9, n. 6, p. e100567, 2014. Disponível em:

<<http://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0100567>>. Acesso em: 20 abr. 2015.

ZENG, Y.; YANG, T. RNA isolation from highly viscous samples rich in polyphenols and polysaccharides. **Plant Molecular Biology Reporter**, New York, v. 20, n. 4, p. 417a–417e, 2002.

ZENID, G.J. (Coord.). **Madeira: uso sustentável na construção civil**. 2. ed. São Paulo: IPT; SVMA, 2009. 99 p.

ZHANG, C.; ZHANG, L.; ZHANG, S.; ZHU, S.; WU, P.; CHEN, Y.; LI, M.; JIANG, H.; WU, G. Global analysis of gene expression profiles in physic nut (*Jatropha curcas* L.) seedlings exposed to drought stress. **BMC Plant Biology**, London, v. 15, n. 17, 2015. Disponível em: <<http://www.biomedcentral.com/1471-2229/15/17>>. Acesso em: 03 abr. 2015.

ZHANG, Y.; FENG, F.; HE, C. Downregulation of OsPK1 contributes to oxidative stress and the variations in ABA/GA balance in rice. **Plant Molecular Biology Reporter**, New York, v. 30, n. 4, p. 1006–1013, 2012.

ZHANG, Y.; LI, Q.; ZHOU, X.; ZHAI, C.; LI, R. Effects of partial replacement of potassium by sodium on cotton seedling development and yield. **Journal of Plant Nutrition**, New York, v. 29, n. 10, p. 1845–1854, 2006.

ZHAO, Z.; ASSMANN, S.M. The glycolytic enzyme, phosphoglycerate mutase, has critical roles in stomatal movement, vegetative growth, and pollen production in *Arabidopsis thaliana*. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v. 62, n. 14, p. 5179-5189, 2011.

ZHU, J.; LEE, B.H.; DELLINGER, M.; CUI, X.; ZHANG, C.; WU, S.; NOTHNAGEL, E.A.; ZHU, J.K. A cellulose synthase-like protein is required for osmotic stress tolerance in *Arabidopsis*. **The Plant Journal: for cell and molecular biology**, Oxford, v. 63, n. 1, p. 128–140, 2010.