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

Identificação de metabólitos da região cambial, cerne e alburno associados à
produção de madeira em *Eucalyptus grandis*

Marisângela Rodrigues dos Santos

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

Piracicaba
2019

Marisângela Rodrigues dos Santos
Engenheira Florestal

Identificação de metabólitos da região cambial, cerne e alburno associados à produção de
madeira em *Eucalyptus grandis*
versão revisada de acordo com a resolução CoPGr 6018 de 2011

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

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

Piracicaba
2019

RESUMO

Identificação de metabólitos da região cambial, cerne e alburno associados à produção de madeira em *Eucalyptus grandis*

Espécies do gênero *Eucalyptus* sp. são as arbóreas mais plantadas no Brasil, onde desempenham importante papel econômico, social e ambiental. Estudos de como se dá a formação da madeira e sua composição química podem auxiliar na obtenção de árvores mais produtivas. Nesse sentido, estudos de metabolômica são interessantes pois podem associar a presença ou quantidade de um ou vários metabólitos à expressão de um fenótipo específico. As técnicas de análises por cromatografia gasosa (GC-MS) e líquida (LC-MS) acopladas à espectrometria de massas são bastante empregadas em metabolômica pois possibilitam uma visão qualitativa e quantitativa dos metabólitos presentes em um organismo. Com isso, o objetivo deste trabalho foi identificar metabólitos diferencialmente abundantes em plantas superiores e inferiores quanto à produção de madeira em *Eucalyptus grandis*. O material vegetal utilizado foi fornecido pela empresa Suzano Papel e celulose e dividido em dois grupos. O grupo principal consistiu de clones com cinco anos originados a partir de uma progênie de irmãos completos de *E. grandis*. Amostras da região do câmbio, cerne e alburno de genótipos superiores e inferiores para produtividade da madeira foram utilizadas nas análises. Para a validação dos metabólitos identificados, um segundo grupo denominado grupo teste (GT) foi formado por clones com três e cinco anos, também com genótipos superiores e inferiores para produtividade de madeira. As amostras foram analisadas por GC-MS e por LC-MS. Para o processamento dos dados de GC-MS utilizou-se o programa *ChromatOF* e o pacote *TargetSearch* e a identificação dos metabólitos foi obtida com o auxílio da biblioteca *Golm Metabolome Database*. Já para as análises de LC-MS, os dados brutos foram processados no programa *MarkerLynx XS*. As análises estatísticas dos dados de GC-MS e LC-MS foram realizadas com o auxílio do programa *on-line MetaboAnalyst*, utilizando-se a Análise de Componentes Principais (PCA) a Análise Discriminante por Mínimos Quadrados Parciais (PLS-DA). Além disso, os metabólitos diferencialmente abundantes foram ranqueados por meio do Índice de Importância da Variável (VIP). Pelas análises de GC-MS pode-se observar a presença de oito metabólitos (quatro desconhecidos, um alceno, um aminoácido, uma amina primária e um ácido graxo) no câmbio com abundância diferencial entre as árvores superiores e inferiores. No alburno foram encontrados nove metabólitos com abundância diferencial, dos quais três desconhecidos, dois açúcares, um flavonóide e dois ácidos graxos. Já no cerne oito metabólitos mostraram-se diferenciais sendo quatro desconhecidos, três açúcares e um ácido graxo. Para o grupo T houve a formação de grupos de acordo com a produtividade apenas para as árvores de 5 anos. Nas análises por LC-MS, considerando-se os dois modos de análises (positivo e negativo) foi possível encontrar 66, 28 e 27 metabólitos para as amostras de câmbio, alburno e cerne respectivamente. O grupo T não apresentou diferenças na abundância dos metabólitos em relação às árvores superiores e inferiores. A identificação desses metabólitos bem como das vias metabólicas que participam fornecerá valiosas informações para estudos de formação da madeira em *E. grandis*.

Palavras-chave: Metabolômica; Câmbio; Madeira; GC-MS; LC-MS; Eucalipto

ABSTRACT

Metabolites identification of the cambial region, heartwood and sapwood associated with wood production in *Eucalyptus grandis*

Species of the genus *Eucalyptus* sp. are the most planted trees in Brazil, where they play an important economic, social and environmental role. Studies of how the formation of wood and its chemical composition can help to obtain trees that are more productive. In this sense, metabolomics studies are interesting because they may associate the presence or quantity of one or more metabolites with the expression of a specific phenotype. The gas chromatography (GC-MS) and liquid chromatography (LC-MS) are very used in metabolomics because they allow a qualitative and quantitative view of the metabolites present in an organism. Therefore, the objective of this work was to identify differentially abundant metabolites in superior and inferior plants in relation to wood production in *Eucalyptus grandis*. The plant material used was supplied by Suzano Papel e Celulose and divided into two groups. The main group consisted of a progeny of five-year-old *E. grandis* full-siblings. Samples were collected from the cambium, heartwood and sapwood regions of upper and lower genotypes for wood productivity. In order to validate metabolites, the second group, called test group (GT) was formed by clones with three and five years, also with superior and inferior genotypes for wood productivity. The samples were analyzed by GC-MS and LC-MS. For the processing of the GC-MS data, the ChromaTOF program and the TargetSearch package were used. For the identification of the metabolites, the GMD library (The Golm Metabolome Database) was used. For the LC-MS, the raw data was processed in the MarkerLynx XS program. The statistical analyzes of GC-MS and LC-MS data were performed using the MetaboAnalyst online program, using Principal Component Analysis (PCA) and Partial Least Squares Discriminant Analysis (PLS-DA). In addition, the differentially abundant metabolites were ranked using the Importance Index of the Variable (VIP). In GC-MS analysis, eight metabolites (four unknown, one alkane, one amino acid, one amine and one fatty acid) were found in the cambium with differential abundance in the superior and inferior trees. The sapwood presented nine metabolites with differential abundance, of which three unknown, two sugars, one flavonoid and two fatty acids. Besides, in the heartwood eight metabolites were differentials being four unknown, three sugars and one fatty acid. For the T group there was formation of groups according to productivity only for five years group. In the analyzes by LC-MS considering the two modes of analysis (positive and negative) was found 66, 28 e 27 metabolites in the cambium, the sapwood and the heartwood, respectively. The T group showed no difference in the abundance of the metabolites in relation to the upper and lower trees. The identification of these metabolites as well as the metabolic pathways involved will provide valuable information for wood formation studies in *E. grandis*.

Keywords: Metabolomics; Cambium; Wood; GC-MS; LC-MS; Eucalyptus

1. INTRODUÇÃO

As florestas plantadas desempenham importante papel econômico, social e ambiental no Brasil. Espécies do gênero *Eucalyptus* sp. são as essências florestais mais plantadas no Brasil representando cerca de 72,3% do total da área plantada, enquanto que espécies de *Pinus* sp. representam cerca de 20,1% do total da área plantada (IBÁ 2017).

As florestas de *Eucalyptus* sp. brasileiras são constituídas predominantemente por clones de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden, *E. urophylla* S. T. Blake e seus híbridos. No geral, árvores de *E. grandis* apresentam rápido crescimento, alta produtividade, boa forma do fuste e boa qualidade. Possuem madeira leve, fácil de ser trabalhada e amplamente empregada na produção de celulose e madeira serrada (Fonseca *et al.* 2010). A madeira de *E. grandis* apresenta o cerne distinto do alburno, sendo a coloração do cerne rosa escuro e a do alburno amarelo palha (Oliveira *et al.* 1999).

O pioneirismo e sucesso brasileiro no setor de florestas plantadas deve-se aos avanços obtidos a partir de duas técnicas principais de melhoramento genético: a clonagem e a hibridação. A clonagem tornou os plantios mais uniformes, de rápido crescimento e matéria-prima homogênea. Já a hibridação permitiu a união de características desejáveis em um mesmo indivíduo. Além de investimentos constantes em pesquisas e desenvolvimento nas áreas de manejo e silvicultura. A madeira oriunda desses plantios tem diversos usos como produção de celulose, papel, carvão vegetal, painéis de madeira, biomassa.

Além do papel econômico, as florestas plantadas também desempenham importante papel social com a geração de cerca de 3,7 milhões de postos de trabalho diretos, indiretos e resultantes do efeito de renda e também papel ambiental pela conservação da biodiversidade, preservação do solo, regulação dos recursos hídricos, recuperação de áreas degradadas e geração de energia renovável (IBÁ 2017).

Por se tratar de uma planta perene, com um longo ciclo de vida, o programa de melhoramento genético de *Eucalyptus* sp. tem sido relativamente longo. Os recentes avanços obtidos com técnicas de biologia molecular e de sequenciamento do genoma (Myburg *et al.* 2014) permitem o melhor entendimento dos mecanismos genéticos e fisiológicos que controlam diversas características como formação da madeira, resistência a doenças, produtividade e tolerância a estresses hídricos. Nesse sentido as ômicas, que compreendem o monitoramento dos caracteres herdáveis (genômica), do nível de transcritos (transcriptômica), de proteínas (proteômica) e metabólitos (metabolômica) são de grande importância para se estudar o fenótipo. Assim, torna-se de especial interesse estudos de metabolômica, uma vez que a

presença ou quantidade de um ou vários metabólitos podem determinar a expressão de um fenótipo específico. A variação destes compostos pode então ser utilizada como um potencial biomarcador entre genótipos contrastantes para caracteres de interesse (Diola *et al.* 2013).

Metabólitos são produtos intermediários ou finais do metabolismo em uma amostra biológica (Fiehn 2002). O conjunto de todos os metabólitos de baixa massa molecular (até 1500 Da), presentes ou alterados em um sistema biológico, é chamado de metaboloma (Oliver *et al.* 1998). A pesquisa relacionada a metabólitos vem sendo desenvolvida há décadas. Nicholson, Lindon, & Holmes, 1999 definiram esse tipo de pesquisa como sendo a medida quantitativa da resposta metabólica de organismos contrastantes. Já o termo metabolômica foi introduzido em 2001, por Oliver Fiehn, como sendo a análise abrangente e quantitativa do metaboloma de um sistema biológico (Fiehn 2001).

Ao contrário do transcriptoma e proteoma a identificação dos metabólitos não pode ser deduzida a partir da informação genômica (Lei *et al.* 2011). Assim, a identificação e quantificação dos metabólitos necessitam de alguma técnica mais sofisticada como a Espectrometria de Massas (MS). MS é a técnica de análise mais usada na metabolômica, uma vez que proporciona análises rápidas, com alta sensibilidade e seletividade (Kuehnbaum e Britz-Mckibbin 2013). Análises por MS permitem a detecção e determinação das estruturas de compostos desconhecidos e/ou presentes em uma determinada amostra em quantidades muito baixas e em misturas quimicamente complexas (Regiani *et al.* 2013).

O desenvolvimento de novos métodos de ionização à temperatura ambiente permitiu o acoplamento da MS a outras técnicas de separação como a cromatografia gasosa (GC), a cromatografia líquida (LC) e a eletroforese capilar (CE) (Kuehnbaum e Britz-Mckibbin 2013). Além disso, a informação de tempo de retenção ou migração do metabólito previamente separado, auxilia na comprovação de identificação do metabólito, com uso de padrões analíticos autênticos.

A GC-MS é uma das técnicas de análise mais empregadas em estudos de metabolômica (Jonsson *et al.* 2004, Fiehn 2008, Koek *et al.* 2011, Hill e Roessner 2013) por apresentar alta robustez e repetibilidade. Análises por GC-MS podem ser usadas para compostos facilmente vaporizados sem decomposição, como consequência da sua partição em uma fase gasosa e uma fase estacionária líquida ou sólida, contida dentro da coluna (Regiani *et al.* 2013). O uso de GC-MS em metabolômica apresenta uma grande vantagem, resultante da construção de bibliotecas de espectros, conferindo alta credibilidade na identificação dos metabólitos, que combina a informação de tempo de retenção e o padrão de fragmentação obtido, em decorrência da ionização por elétrons.

A técnica de LC-MS vem sendo cada vez mais aplicada nos estudos envolvendo análises de metabolômica (Cubbon *et al.* 2010, Theodoridis *et al.* 2012, Zhou *et al.* 2012, Forcisi *et al.* 2013, Kloos *et al.* 2013). É uma técnica analítica que apresenta alta robustez, sensibilidade e seletividade, além de ser de fácil operação (Li e Legido-Quigley 2008). A cromatografia líquida combina o uso de solventes (fase móvel) e coluna cromatográfica, contendo geralmente partículas de pequenas dimensões (fase estacionária) e alta pressão. Os dados provenientes das análises por LC-MS, juntamente com os tempos de retenção desses metabólitos são confrontados com bancos de dados *on-line* com o auxílio de *softwares* específicos para a identificação dos analitos. LC-MS é considerada uma técnica abrangente no que se refere à classe de compostos a serem analisadas, devido a grande variedade de fases estacionárias disponíveis, além dos diferentes modos de separação, como a eluição em fase reversa (fundamentalmente partição), com ou sem pareamento iônico, interação hidrofílica e troca iônica.

Assim, o estudo da metabolômica em plantas de eucalipto contrastantes para produção de madeira pode melhorar a compreensão das informações biológicas relacionadas aos compostos envolvidos nesse processo bem como fornecer indicativos para estudos futuros de biomarcadores para a seleção precoce de plantas superiores quanto à produtividade de madeira, economizando tempo e recursos em um programa de melhoramento genético. Além disso, as informações obtidas, juntamente com as de outras áreas da biologia de sistemas, poderão ser usadas para investigar a função de genes (genômica funcional) dando uma visão holística e integrada do sistema de produção de madeira em *Eucalyptus*.

Com isso, o objetivo deste trabalho foi identificar metabólitos diferencialmente abundantes em diferentes tecidos (câmbio, cerne e alburno), com potencial de uso como biomarcadores na seleção de plantas para a produção de madeira. Para tanto, foram avaliadas plantas superiores e inferiores quanto à produção de madeira em *Eucalyptus grandis*, provenientes do programa de melhoramento genético da Suzano Papel e Celulose.

5. CONCLUSÕES

Os resultados apresentados nesse trabalho mostraram os metabólitos tritriacontana, ácido aspártico e ácido hexadecanóico como possíveis biomarcadores de alta produtividade em *Eucalyptus*. No entanto, a regulação e interação entre esses metabolitos só será compreendida com a realização de estudos adicionais.

Todos os metabólitos diferenciais que já possuem suas estruturas químicas elucidadas e depositadas em bancos de dados encontrados no alburno (fosfato de dihidroxiacetona, 3-O-metil glicose, 3,5-dimetoxi-4-hidroxi-cinamaldeído, éster metílico do ácido nonanóico, ácido 2,3-dihidroxibenzóico e hidroquinona) foram abundantes apenas nas árvores inferiores, indicando que nesse tecido, esses metabólitos funcionariam como biomarcadores de baixa produtividade.

No cerne, que é um tecido onde as células não estão mais fisiologicamente ativas, foram encontrados dois possíveis biomarcadores de alta produtividade (beta-D-frutofuranosil-(2,1)-beta-D-frutofuranose e ácido micólico) e dois possíveis biomarcadores de baixa produtividade de madeira (xilitol e ácido N-acetilneuramínico).

Nos três tecidos foram encontrados metabólitos conhecidos porém sem suas estruturas químicas elucidadas e que são de possíveis biomarcadores para produtividade de madeira. Assim, estudos de elucidação da estrutura química desses metabólitos tornam-se necessárias.

Uma vez que já foram detectados íons diferenciais por LC-MS, a fragmentação desses íons por MS/MS e posterior identificação, juntamente com os metabólitos obtidos por GC-MS, permitirão uma compreensão mais ampla do controle metabólico da produção de madeira em *E. grandis*.

Não foi possível a validação dos metabólitos encontrados nesse trabalho no grupo T de plantas com 3 e 5 anos. Nas plantas com 3 anos não houve diferenças quanto ao perfil metabólito entre as árvores superiores e inferiores tanto nas análises de GC-MS como por LC-MS. Já nas plantas com 5 anos houve uma separação entre as árvores inferiores e superiores nas análises por GC-MS, porém, nenhum dos metabólitos diferenciais foi igual aos metabólitos diferenciais encontrados no grupo principal. Além disso, tanto para 3 anos como para 5 anos não houve diferenças estatísticas entre a maioria das comparações testadas para os dados fenotípicos. Assim, torna-se necessário a utilização de outros grupos com fenótipos mais contrastantes para produtividade de madeira bem como um maior número de plantas para validação dos metabólitos encontrados nesse trabalho.

REFERÊNCIAS

- Andersson-Gunnerås S, Mellerowicz EJ, Love J, Segerman B, Ohmiya Y, Coutinho PM, Nilsson P, Henrissat B, Moritz T e Sundberg B (2006) Biosynthesis of cellulose-enriched tension wood in *Populus*: Global analysis of transcripts and metabolites identifies biochemical and developmental regulators in secondary wall biosynthesis. **Plant Journal** **45**: 144–165.
- Arbona V, Manzi M, de Ollas C e Gómez-Cadenas A (2013) Metabolomics as a tool to investigate abiotic stress tolerance in plants. **International Journal of Molecular Sciences** **14**: 4885–4911.
- Azevedo RA e Lea PJ (2001) Lysine metabolism in higher plants. **Amino Acids** **20**: 261–279.
- Bang K-H, Lee D-W, Park H-M e Rhee Y-H (2000) Inhibition of fungal cell wall synthesizing enzymes by trans-cinnamaldehyde. **Bioscience, Biotechnology, and Biochemistry** **64**: 1061–1063.
- Bedgood DR, Bishop AG, Prenzler PD e Robards K (2005) Analytical approaches to the determination of simple biophenols in forest trees such as *Acer* (maple), *Betula* (birch), *Coniferus*, *Eucalyptus*, *Juniperus* (cedar), *Picea* (spruce) and *Quercus* (oak). **Analyst** **130**: 809–823.
- Bini AP (2016) Estudo molecular do desenvolvimento de *Puccinia psidii* Winter in vitro e no processo de infecção de *Eucalyptus grandis*. Universidade de São Paulo, 145p.
- Boerjan W (2005) Biotechnology and the domestication of forest trees. **Current Opinion in Biotechnology** **16**: 159–166.
- Bragatto J (2007) Avaliação da composição química da parede celular de plantas de tabaco (*Nicotiana tabacum*) que superexpressam o gene *ugdH* de soja, que codifica a enzima UDP-glicose desidrogenase (EC 1.1.1.22). Universidade de São Paulo, 73p.
- Brondani RP V, Brondani C, Tarchini R e Grattapaglia D (1998) Development, characterization and mapping of microsatellite markers in *Eucalyptus grandis* and *E. urophylla*. **Theoretical and Applied Genetics** **97**: 816–827.
- Budzinski IGF, Moon DH, Lindén P, Moritz T e Labate CA (2016a) Seasonal variation of carbon metabolism in the cambial zone of *Eucalyptus grandis*. **Frontiers in Plant Science** **7**: 932.
- Budzinski IGF, Moon DH, Morosini JS, Lindén P, Bragatto J, Moritz T e Labate CA (2016b) Integrated analysis of gene expression from carbon metabolism, proteome and metabolome, reveals altered primary metabolism in *Eucalyptus grandis* bark, in response to seasonal variation. **BMC Plant Biology** **16**: 149.
- Bylesjö M, Eriksson D, Kusano M, Moritz T e Trygg J (2007) Data integration in plant biology: The O2PLS method for combined modeling of transcript and metabolite data. **Plant Journal** **52**: 1181–1191.
- Camp BJ e Norvell MJ (1966) The phenylethylamine alkaloids of native range plants. **Economic Botany** **20**: 274–278.
- Canuto GAB, Da Costa JL, Da Cruz PLR, De Souza ARL, Faccio AT, Klassen A, Rodrigues KT e Tavares MFM (2018) Metabolômica: definições, estado-da-arte e aplicações representativas. **Química Nova** **4**: 75–91.
- Chaffey N, Cholewa E, Regan S e Sundberg B (2002) Secondary xylem development in *Arabidopsis*: A model for wood formation. **Physiologia Plantarum** **144**: 594–600.
- Christou P e Barton KA (1989) Cytokinin antagonist activity of substituted phenethylamines in plant cell culture. **Plant Physiology** **89**: 564–568.
- Coleman HD, Yan J e Mansfield SD (2009) Sucrose synthase affects carbon partitioning to

- increase cellulose production and altered cell wall ultrastructure. **Proceedings of the National Academy of Sciences** **106**: 13118–13123.
- Costa CG, Callado CH, Coradin VTR e Carmello-Guerreiro SM (2003) Xilema. UFV, Viçosa, p. 129–159. In Appezzato-Da-Gloria B e Carmello-Guerreiro SM (orgs) **Anatomia vegetal**.
- Cuadros-Inostroza Á, Caldana C, Redestig H, Kusano M, Lisec J, Peña-Cortés H, Willmitzer L e Hannah MA (2009) TargetSearch - a Bioconductor package for the efficient preprocessing of GC-MS metabolite profiling data. **BMC Bioinformatics** **10**: 428.
- Cubbon S, Antonio C, Wilson J e Thomas-Oates J (2010) Metabolomic applications of HILIC-LC-MS. **Mass Spectrometry Reviews** **29**: 671–684.
- Daub CO, Kloska S e Selbig J (2003) MetaGeneAllyse: Analysis of integrated transcriptional and metabolite data. **Bioinformatics** **19**: 2332–2333.
- De Carvalho MCDG, Caldas DGG, Carneiro RT, Moon DH, Salvatierra GR, Franceschini LM, De Andrade A, Celedon PAF, Oda S e Labate CA (2008) SAGE transcript profiling of the juvenile cambial region of *Eucalyptus grandis*. **Tree Physiology** **28**: 905–919.
- De Vos RCH, Moco S, Lommen A, Keurentjes JJB, Bino RJ e Hall RD (2007) Untargeted large-scale plant metabolomics using liquid chromatography coupled to mass spectrometry. **Nat. Protoc.** **2**: 778–791.
- Diola V, Daloso D de M e Antunes WC (2013) Metabolômica. Suprema, Visconde do Rio Branco, p. 181–208. In Borém A e Fritsche-Neto R (orgs) **Ômicas 360°**.
- Dixon RA e Strack D (2003) Phytochemistry meets genome analysis, and beyond. **Phytochemistry** **62**: 815–816.
- Domingues RMA, Sousa GDA, Silva CM, Freire CSR, Silvestre AJD e Neto CP (2011) High value triterpenic compounds from the outer barks of several Eucalyptus species cultivated in Brazil and in Portugal. **Industrial Crops and Products** **33**: 158–164.
- Dong MW (2006) **Modern HPLC for practicing scientists**. Wiley, Wareham, 304p.
- Doyle JJ e Doyle JL (1987) A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. **Phytochemical Bulletin** **19**: 11–15.
- Draper J, Rasmussen S e Zubair H (2011) Metabolite analysis and metabolomics in the study of biotrophic interactions between plants and microbes. **Annual Plant Reviews** **43**: 25–59.
- Dunn WB e Ellis DI (2005) Metabolomics: Current analytical platforms and methodologies. **TrAC - Trends in Analytical Chemistry** **24**: 285–294.
- Eckert AJ, Wegrzyn JL, Cumbie WP, Goldfarb B, Huber DA, Tolstikov V, Fiehn O e Neale DB (2012) Association genetics of the loblolly pine (*Pinus taeda*, Pinaceae) metabolome. **New Phytologist** **193**: 890–902.
- Evangelista WV, De Castro Silva J, Valle MLA e Xavier BA (2010) Caracterização anatômica quantitativa da madeira de clones de *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. E *Eucalyptus urophylla* S.T. Blake. **Scientia Forestalis/Forest Sciences** **38**: 273–284.
- Fait A, Angelovici R, Less H, Ohad I, Urbanczyk-Wochniak E, Fernie AR e Galili G (2006) Arabidopsis seed development and germination is associated with temporally distinct metabolic switches. **PLANT PHYSIOLOGY** **142**: 839–854.
- Fernie AR, Trethewey RN, Krotzky AJ e Willmitzer L (2004) Metabolite profiling: From diagnostics to systems biology. **Nature Reviews Molecular Cell Biology** **5**: 763–769.
- Fiehn O (2001) Combining genomics, metabolome analysis, and biochemical modelling to understand metabolic networks. **Comparative and Functional Genomics** **2**: 155–168.
- Fiehn O (2008) Extending the breadth of metabolite profiling by gas chromatography coupled to mass spectrometry. **TrAC - Trends in Analytical Chemistry** **27**: 261–269.
- Fiehn O (2002) Metabolomics - The link between genotypes and phenotypes. **Plant Molecular**

- Biology 48:** 155–171.
- Fiehn O, Kloska S e Altmann T (2001) Integrated studies on plant biology using multiparallel techniques. **Current Opinion in Biotechnology 12:** 82–86.
- Fonseca SM da, Resende MDV, Alfenas AC, Guimarães LM da S, Assis TF de e Grattapaglia D (2010) **Manual prático de melhoramento genético do Eucalipto**. UFV, Viçosa, 200p.
- Forcisi S, Moritz F, Kanawati B, Tziotis D, Lehmann R e Schmitt-Kopplin P (2013) Liquid chromatography-mass spectrometry in metabolomics research: Mass analyzers in ultra high pressure liquid chromatography coupling. **Journal of Chromatography A 1292:** 51–65.
- Freire CSR, Pinto PCR, Santiago AS, Silvestre AJD, Evtuguin D V e Neto CP (2006) Comparative study of lipophilic extractives of hardwoods and corresponding ECF bleached kraft pulps. **BioResources 1:** 3–17.
- Freire CSR, Silvestre AJD e Neto CP (2002) Identification of new hydroxy fatty acids and ferulic acid esters in the wood of *Eucalyptus globulus*. **Holzforschung 56:** 143–149.
- Gaiotto FA, Bramucci M e Grattapaglia D (1997) Estimation of outcrossing rate in a breeding population of *Eucalyptus urophylla* with dominant RAPD and AFLP markers. **Theoretical and Applied Genetics 95:** 842–849.
- Gonçalez JC, Breda LDCS, Barros JFM, Macedo DG, Janin G, Costa AF Da e Vale AT Do (2006) Características tecnológicas das madeiras de *Eucalyptus grandis* W.Hill ex Maiden e *Eucalyptus cloeziana* F. Muell visando ao seu aproveitamento na indústria moveleira. **Ciência Florestal 16:** 329–341.
- Gozal EA, O'Neill BE, Sawchuk MA, Zhu H, Halder M, Chou C-C e Hochman S (2014) Anatomical and functional evidence for trace amines as unique modulators of locomotor function in the mammalian spinal cord. **Frontiers in Neural Circuits 8:** 134.
- Grattapaglia D e Bradshaw HD (1994) Nuclear DNA content of commercially important *Eucalyptus* species and hybrids. **Canadian Journal of Forest Research 24:** 1074–1078.
- Grattapaglia D, Vaillancourt RE, Shepherd M, Thumma BR, Foley W, Külheim C, Potts BM e Myburg AA (2012) Progress in Myrtaceae genetics and genomics: *Eucalyptus* as the pivotal genus. **Tree Genetics and Genomes 8:** 463–508.
- Griffin AR, Burgess IP e Wolf L (1988) Patterns of natural and manipulated hybridisation in the genus *Eucalyptus* L'Hérit. **Australian Journal of Botany 36:** 41–66.
- Hall RD (2006) Plant metabolomics: From holistic hope, to hype, to hot topic. **New Phytologist 169:** 453–468.
- Hann K e Lentz L (2006) Synergic combination of compositions containing Aloe Vera isolates and their therapeutic application. United States, p. 12.
- Harkin JM e Rowe JW (1971) Bark and its possible uses. **USDA, Forest Service and Forest Product Laboratory 56.**
- Haselein CR, Lopes MC, Santini EJ, Longhi SJ, Rosso S, Fernandes DLG e Menezes LF de (2004) Características tecnológicas da madeira de árvores matrizes de *Eucalyptus grandis*. **Ciência Florestal 14:** 145–155.
- Hill CB e Roessner U (2013) Metabolic profiling of plants by GC-MS. Wiley-VCH Verlag GmbH & Co. KGaA, Weinheim, p. 1–23. In Weckwerth W e Kahl G (orgs) **The Handbook of Plant Metabolomics**.
- Horsley TN e Johnson SD (2007) Is *Eucalyptus* cryptically self-incompatible? **Annals of Botany 100:** 1373–1378.
- Hussey SG, Mizrachi E, Creux NM e Myburg AA (2013) Navigating the transcriptional roadmap regulating plant secondary cell wall deposition. **Frontiers in Plant Science 4:** 325.

- IBÁ (2017) **Relatório Anual**. São Paulo, 80p.
- Ingemarsson BS, Lundqvist E e Eliasson L (1991) Seasonal variation in ethylene concentration in the wood of *Pinus sylvestris* L. **Tree physiology** **8**: 273–279.
- Jennings DH e Shirley A (1973) The stimulatory effect of the non-metabolized sugar 3-O-Methyl Glucose on the conversion of mannitol and arabitol to polysaccharide and other insoluble compounds in the fungus *Dendryphiella salina*. **Journal of General Microbiology** **75**: 287–294.
- Jonsson P, Gullberg J, Nordström A, Kusano M, Kowalczyk M, Sjöström M e Moritz T (2004) A strategy for identifying differences in large series of metabolomic samples analyzed by GC/MS. **Analytical Chemistry** **76**: 1738–1745.
- Kanani H, Dutta B e Klapa MI (2010) Individual vs. combinatorial effect of elevated CO₂ conditions and salinity stress on *Arabidopsis thaliana* liquid cultures: Comparing the early molecular response using time-series transcriptomic and metabolomic analyses. **BMC systems biology** **4**: 177.
- Keurentjes JJ (2009) Genetical metabolomics: closing in on phenotypes. **Current Opinion in Plant Biology** **12**: 223–230.
- Kloos DP, Lingeman H, Niessen WMA, Deelder AM, Giera M e Mayboroda OA (2013) Evaluation of different column chemistries for fast urinary metabolic profiling. **Journal of Chromatography B: Analytical Technologies in the Biomedical and Life Sciences** **927**: 90–96.
- Klukas C, Junker BH e Schreiber F (2006) The VANTED software system for transcriptomics , proteomics and metabolomics analysis. **Journal of pesticide science** **31**: 289–292.
- Koek MM, Jellema RH, van der Greef J, Tas AC e Hankemeier T (2011) Quantitative metabolomics based on gas chromatography mass spectrometry: Status and perspectives. **Metabolomics** **7**: 307–328.
- Kooke R e Keurentjes JJB (2012) Multi-dimensional regulation of metabolic networks shaping plant development and performance. **Journal of Experimental Botany** **63**: 3353–3365.
- Kuehnbaum NL e Britz-Mckibbin P (2013) New advances in separation science for metabolomics: Resolving chemical diversity in a post-genomic era. **Chemical Reviews** **113**: 2437–2468.
- Ladiges PY, Udovicic F e Nelson G (2003) Australian biogeographical connections and the phylogeny of large genera in the plant family Myrtaceae. **Journal of Biogeography** **30**: 989–998.
- Lanças FM (2009) A cromatografia líquida moderna e a espectrometria de massas: Finalmente “compatíveis”? **Scientia Chromatographica** **1**: 35–61.
- Larisch C, Dittrich M, Wildhagen H, Lautner S, Fromm J, Polle A, Hedrich R, Rennenberg H, Muller T e Ache P (2012) Poplar wood rays are involved in seasonal remodeling of tree physiology. **PLANT PHYSIOLOGY** **160**: 1515–1529.
- Lattanzio V, Lattanzio VMT e Cardinalli Á (2006) Role of polyphenols in the resistance mechanisms of plants against fungal pathogens and insects. **Phytochemistry: Advances in Research** **661**: 23–67.
- Lei Z, Huhman D V. e Sumner LW (2011) Mass spectrometry strategies in metabolomics. **Journal of Biological Chemistry** **286**: 25435–25442.
- Lenz EM, Bright J, Knight R, Wilson ID e Major H (2004) Cyclosporin A-induced changes in endogenous metabolites in rat urine: A metabonomic investigation using high field ¹H NMR spectroscopy, HPLC-TOF/MS and chemometrics. **Journal of Pharmaceutical and**

- Biomedical Analysis** 35: 599–608.
- Lepikson-Neto J, Alves A, Simões R, Deckmann AC, Camargo ELO, Salazar MM, Rio MCS, do Nascimento LC, Pereira GAG e Rodrigues JC (2013) Flavonoid supplementation reduces the extractive content and increases the syringyl/guaiacyl ratio in *Eucalyptus grandis* x *Eucalyptus urophylla* hybrid trees. **BioResources** 8: 1747–1757.
- Leple J-C, Dauwe R, Morreel K, Storme V, Lapierre C, Pollet B, Naumann A, Kang K-Y, Kim H, Ruel K, Lefebvre A, Joseleau J-P, Grima-Pettenati J, De Rycke R, Andersson-Gunneras S, Erban A, Fehrle I, Petit-Conil M, Kopka J, Polle A, Messens E, Sundberg B, Mansfield SD, Ralph J, Pilate G e Boerjan W (2007) Downregulation of cinnamoyl-coenzyme a reductase in poplar: multiple-level phenotyping reveals effects on cell wall polymer metabolism and structure. **THE PLANT CELL ONLINE** 19: 3669–3691.
- Li L, Lu S e Chiang V (2006) A genomic and molecular view of wood formation. **Critical Reviews in Plant Sciences** 25: 215–233.
- Li X e Legido-Quigley C (2008) Advances in separation science applied to metabonomics. **Electrophoresis** 29: 3724–3736.
- Linask J e Laties GG (1973) Multiphasic absorption of glucose and 3-o-methyl glucose by aged potato slices. **Plant physiology** 51: 289–94.
- Lisec J, Meyer RC, Steinfath M, Redestig H, Becher M, Witucka-Wall H, Fiehn O, Törjék O, Selbig J, Altmann T e Willmitzer L (2008) Identification of metabolic and biomass QTL in *Arabidopsis thaliana* in a parallel analysis of RIL and IL populations. **Plant Journal** 53: 960–972.
- Lynnes T, Horne SM e Prüß BM (2014) β -Phenylethylamine as a novel nutrient treatment to reduce bacterial contamination due to *Escherichia coli* O157:H7 on beef meat. **Meat science** 96: 165–171.
- Lyons JM (1973) Chilling injury in plants. **Annual Review of Plant Physiology** 24: 445–466.
- McMaster MC (2007) **HPLC: a practical user's guide**, 2^o ed. John Wiley & Sons, New Jersey, 238p.
- Mewalal R, Mizrahi E, Mansfield SD e Myburg AA (2014) Cell wall-related proteins of unknown function: Missing links in plant cell wall development. **Plant and Cell Physiology** 55: 1031–1043.
- Meyer VR (2010) **Practical high-performance liquid chromatography**, 5th ed. John Wiley and Sons, Chichester, 426p.
- Mora AL e Garcia CH (2000) **A cultura do Eucalipto no Brasil**. Sociedade Brasileira de Silvicultura, São Paulo, 112p.
- Moran GF, Bell JC e Griffin AR (1989) Reduction in levels of inbreeding in a seed orchard of *Eucalyptus regnans* F. Muell. compared with natural populations. **Silvae-Genetica** 38: 32–36.
- Moreno PRH, van der Heijden R e Verpoorte R (1994) Elicitor-mediated induction of isochorismate synthase and accumulation of 2,3-dihydroxy benzoic acid in *Catharanthus roseus* cell suspension and shoot cultures. **Plant Cell Reports** 14: 188–191.
- Morreel K, Goeminne G, Storme V, Sterck L, Ralph J, Coppieters W, Breyne P, Steenackers M, Georges M, Messens E e Boerjan W (2006) Genetical metabolomics of flavonoid biosynthesis in *Populus*: a case study. **The Plant Journal** 47: 224–237.
- Morris CR, Scott JT, Chang H-M, Sederoff RR, O'Malley D e Kadla JF (2004) Metabolic profiling: a new tool in the study of wood formation. **Journal of agricultural and food chemistry** 52: 1427–1434.

- Myburg AA, Grattapaglia D, Tuskan GA, Hellsten U, Hayes RD, Grimwood J, Jenkins J, Lindquist E, Tice H, Bauer D, Goodstein DM, Dubchak I, Poliakov A, Mizrahi E, Kallan ARK, Hussey SG, Pinard D, Van Der Merwe K, Singh P, Van Jaarsveld I, Silva-Junior OB, Togawa RC, Pappas MR, Faria DA, Sansaloni CP, Petroli CD, Yang X, Ranjan P, Tschaplinski TJ, Ye CY, Li T, Sterck L, Vanneste K, Murat F, Soler M, Clemente HS, Saidi N, Cassan-Wang H, Dunand C, Hefer CA, Bornberg-Bauer E, Kersting AR, Vining K, Amarasinghe V, Ranik M, Naithani S, Elser J, Boyd AE, Liston A, Spatafora JW, Dharmawardhana P, Raja R, Sullivan C, Romanel E, Alves-Ferreira M, Külheim C, Foley W, Carocha V, Paiva J, Kudrna D, Brommonschenkel SH, Pasquali G, Byrne M, Rigault P, Tibbits J, Spokevicius A, Jones RC, Steane DA, Vaillancourt RE, Potts BM, Joubert F, Barry K, Pappas GJ, Strauss SH, Jaiswal P, Grima-Pettenati J, Salse J, Van De Peer Y, Rokhsar DS e Schmutz J (2014) The genome of *Eucalyptus grandis*. **Nature** **510**: 356–362.
- Narang D, Tomlinson S, Holt A, Mousseau DD e Baker GB (2011) Trace amines and their relevance to psychiatry and neurology: A brief overview. **Bulletin of Clinical Psychopharmacology** **21**: 73–79.
- Nicholson JK, Lindon JC e Holmes E (1999) “Metabonomics”: Understanding the metabolic responses of living systems to pathophysiological stimuli via multivariate statistical analysis of biological NMR spectroscopic data. **Xenobiotica** **29**: 1181–1189.
- Oksman-Caldentey KM e Saito K (2005) Integrating genomics and metabolomics for engineering plant metabolic pathways. **Current Opinion in Biotechnology** **16**: 174–179.
- Oliveira JTDS, Hellmeister JC, Simões JW e Filho MT (1999) Caracterização da madeira de sete espécies de eucaliptos para a construção civil: 1 - Avaliações dendrométricas das árvores. **Scientia Forestalis** **56**: 113–124.
- Oliver SG, Winson MK, Kell DB e Baganz F (1998) Systematic functional analysis of the yeast genome. **Trends in Biotechnology** **16**: 373–378.
- Oró J, Nooner DW e Wikström SA (1965) Paraffinic hydrocarbons in pasture plants. **Science** **147**: 870–873.
- Osawa T e Namiki M (1981) A novel type of antioxidant isolated from leaf wax of eucalyptus leaves. **Agricultural and Biological Chemistry** **45**: 735–739.
- Osawa T e Namiki M (1985) Natural antioxidants isolated from Eucalyptus leaf waxes. **Journal of Agricultural and Food Chemistry** **33**: 777–780.
- Osawa T, Yoshida A, Kawakishi S, Yamashita K e Ochi H (1995) Protective role of dietary antioxidants in oxidative stress. Birkhäuser, Basel, p. 367–377. In Cutler RG, Packer L, Bertram J, e Mori A (orgs) **Oxidative Stress and Aging**.
- Paiva JAP, Garnier-Géré PH, Rodrigues JC, Alves A, Santos S, Graça J, Le Provost G, Chaumeil P, Da Silva-Perez D, Bosc A, Fevereiro P e Plomion C (2008) Plasticity of maritime pine (*Pinus pinaster*) wood-forming tissues during a growing season. **New Phytologist** **179**: 1080–1094.
- Pallardy SG (2007) **Physiology of woody plants**, 3rd ed. Elsevier, Burlington, 464p.
- Parajó JC, Domínguez H e Domínguez JM (1997) Xylitol production from Eucalyptus wood hydrolysates extracted with organic solvents. **Process Biochemistry** **32**: 599–604.
- Pereira BLC, Oliveira AC, Carvalho AMML, De Cássia Oliveira Carneiro A, Vital BR e Santos LC (2013) Correlações entre a relação cerne/alburno da madeira de eucalipto, rendimento e propriedades do carvão vegetal. **Scientia Forestalis/Forest Sciences** **41**: 217–225.
- Plomion C, Le Provost G e Stokes A (2001) Wood formation in trees. **PLANT PHYSIOLOGY** **127**: 1513–1523.
- Potts BM e Savva M (1988) Self-incompatibility in Eucalyptus. School of Botany, University of Melbourne, Melbourne, p. 165–170. In Knox RB, Singh MB, e Troini L (orgs) **Pollination**.

- Regiani T, Budzinski IGF, Gonzalez SG, Labate MT V., Cotinguiba F, Marques FG, Moraes FE e Labate CA (2013) Eletroforese, cromatografia e espectrometria de massas. Suprema, Visconde do Rio Branco, p. 123–152. In Borém A e Fritsche-Neto R (orgs) **Ômicas 360°**.
- Rencoret J, Gutiérrez A e Del Río JC (2007) Lipid and lignin composition of woods from different eucalypt species. **Holzforschung** **61**: 165–174.
- Rhodes MJC (1994) Physiological roles for secondary metabolites in plants: some progress, many outstanding problems. **Plant Molecular Biology** **24**: 1–20.
- Riedelsheimer C, Lisec J, Czedik-eysenberg A, Sulpice R, Flis A, Grieder C, Altmann T, Stitt M, Willmitzer L e Melchinger AE (2012) Genome-wide association mapping of leaf metabolic profiles for dissecting complex traits in maize. **Proceedings of the National Academy of Sciences** **109**: 8872–8877.
- Roberts LW e Miller AR (1983) Is ethylene involved in xylem differentiation? **Vistas in Plant Science** **6**: 1–24.
- Robinson AR (2009) Metabolomic Analyses of Wood Attributes in Tree Species. University of British Columbia, 228p.
- Rogers LA e Campbell MM (2004) The genetic control of lignin deposition during plant growth and development. **New Phytologist** **164**: 17–30.
- Rohde A, Morreel K, Ralph J, Goeminne G, Hostyn V, Rycke R De e Kushnir S (2004) Molecular phenotyping of the *pal1* and *pal2* mutants of *Arabidopsis thaliana* reveals far-reaching consequences on phenylpropanoid, amino acid, and carbohydrate metabolism. **The Plant Cell** **16**: 2749–2771.
- Schauer N, Steinhauser D, Strelkov S, Schomburg D, Allison G, Moritz T, Lundgren K, Roessner-Tunali U, Forbes MG, Willmitzer L, Fernie AR e Kopka J (2005) GC-MS libraries for the rapid identification of metabolites in complex biological samples. **FEBS Letters** **579**: 1332–1337.
- Silvério FO, Barbosa LCA, Silvestre AJD, Piló-Veloso D e Gomide JL (2007) Comparative study on the chemical composition of lipophilic fractions from three wood tissues of Eucalyptus species by gas chromatography-mass spectrometry analysis. **Journal of Wood Science** **53**: 533–540.
- Smeekeens S (1998) Sugar regulation of gene expression in plants. **Current Opinion in Plant Biology** **1**: 230–234.
- Smith TA (1977) Phenethylamine and related compounds in plants. **Phytochemistry** **16**: 9–18.
- Snyder LR, Kirkland JJ e Dolan JW (2009) **Introduction to modern liquid chromatography**, 3rd ed. Wiley, Hoboken, 960p.
- Souza ICG de (2016) Seleção e melhoramento em populações clonais de *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden. Universidade Estadual Paulista “Júlio de Mesquita Filho”, 70p.
- Szabo A, Billett E e Turner J (2001) Phenylethylamine, a possible link to the antidepressant effects of exercise? **British Journal of Sports Medicine** **35**: 342–343.
- Szymańska E, Saccenti E, Smilde AK e Westerhuis JA (2012) Double-check: Validation of diagnostic statistics for PLS-DA models in metabolomics studies. **Metabolomics** **8**: 3–16.
- Takayama K, Wang C e Besra GS (2005) Pathway to synthesis and processing of mycolic acids in *Mycobacterium tuberculosis*. **Clinical Microbiology Reviews** **18**: 81–101.
- Theodoridis GA, Gika HG, Want EJ e Wilson ID (2012) Liquid chromatography-mass spectrometry based global metabolite profiling: A review. **Analytica Chimica Acta** **711**: 7–16.
- Tomazello Filho M (1987) Variação radial da densidade básica e da estrutura anatômica da madeira do *Eucalyptus globulus*, *E. pellita* e *E. acmenoides*. **Revista IPEF** **36**: 35–42.

- Toubiana D, Semel Y, Tohge T, Beleggia R, Cattivelli L, Rosental L, Nikoloski Z, Zamir D, Fernie AR e Fait A (2012) Metabolic profiling of a mapping population exposes new insights in the regulation of seed metabolism and seed, fruit, and plant relations. **PLoS Genetics** 8: e1002612.
- Tulloch AP (1973) Composition of leaf surface waxes of Triticum species: Variation with age and tissue. **Phytochemistry** 12: 2225–2232.
- Tuskan GA, DiFazio S, Jansson S, Bohlmann J, Grigoriev I, Hellsten U, Putnam M, Ralph S, Rombauts S, Salamov A, Schein J, Sterck L, Aerts A, Bhalerao RR, Bhalerao RP, Blaudez D, Boerjan W, Brun A, Brunner A, Busov V, Campbell M, Carlson J, Chalot M, Chapman J, Chen GL, Cooper D, Coutinho PM, Couturier J, Covert S, Cronk Q, Cunningham R, Davis J, Degroev S, Drjardin A, DePamphilis C, Detter J, Dirks B, Dubchak I, Duplessis S, Ehlting J, Ellis B, Gendler K, Goodstein D, Gribskov M, Grimwood J, Groover A, Gunter L, Hamberger B, Heinze B, Helariutta Y, Henrissat B, Holligan D, Holt R, Huang W, Islam-Faridi N, Jones S, Jones-Rhoades M, Jorgensen R, Joshi C, Kangasjärvi J, Karlsson J, Kelleher C, Kirkpatrick R, Kirst M, Kohler A, Kalluri U, Larimer F, Leebens-Mack J, Leplé JC, Locascio P, Lou Y, Lucas S, Martin F, Montanini B, Napoli C, Nelson DR, Nelson C, Nieminen K, Nilsson O, Pereda V, Peter G, Philippe R, Pilate G, Poliakov A, Razumovskaya J, Richardson P, Rinaldi C, Ritland K, Rouzé P, Ryaboy D, Schmutz J, Schrader J, Segerman B, Shin H, Siddiqui A, Sterky F, Terry A, Tsai CJ, Uberbacher E, Unneberg P, Vahala J, Wall K, Wessler S, Yang G, Yin T, Douglas C, Marra M, Sandberg G, Van De Peer Y e Rokhsar D (2006) The genome of black cottonwood, *Populus trichocarpa* (Torr. & Gray). **Science** 313: 1596–1604.
- Usta J, Kreydiyyeh S, Barnabe P, Bou-Moughlabay Y e Nakkash-Chmaisse H (2003) Comparative study on the effect of cinnamon and clove extracts and their main components on different types of ATPases. **Hum Exp Toxicol** 22: 355–362.
- van den Berg RA, Hoefsloot HCJ, Westerhuis JA, Smilde AK e van der Werf MJ (2006) Centering, scaling, and transformations: Improving the biological information content of metabolomics data. **BMC Genomics** 7: 142.
- Villas-Bôas SG e Gombert AK (2006) Análise do metaboloma. **Biotecnologia Ciência e Desenvolvimento** 36: 58–69.
- Wang Y, Feng K, Yang H, Zhang Z, Yuan Y e Yue T (2018) Effect of cinnamaldehyde and citral combination on transcriptional profile, growth, oxidative damage and patulin biosynthesis of *Penicillium expansum*. **Frontiers in Microbiology** 9: 597.
- Wishart DS, Feunang YD, Marcu A, Guo AC, Liang K, Vázquez-Fresno R, Sajed T, Johnson D, Li C, Karu N, Sayeeda Z, Lo E, Assempour N, Berjanskii M, Singhal S, Arndt D, Liang Y, Badran H, Grant J, Serra-Cayuela A, Liu Y, Mandal R, Neveu V, Pon A, Knox C, Wilson M, Manach C e Scalbert A (2018) HMDB 4.0: The human metabolome database for 2018. **Nucleic Acids Research** 46: D608–D617.
- Wolfender J-L, Rudaz S, Choi YH e Kim HK (2013) Plant metabolomics: from holistic data to relevant biomarkers. **Current Medicinal Chemistry** 20: 1056–1090.
- Xia J, Sinelnikov I V., Han B e Wishart DS (2015) MetaboAnalyst 3.0-making metabolomics more meaningful. **Nucleic Acids Research** 43: W251–W257.
- Xu Z, Zhang D, Hu J, Zhou X, Ye X, Reichel KL, Stewart NR, Syrenne RD, Yang X, Gao P, Shi W, Doeppke C, Sykes RW, Burris JN, Bozell JJ, Cheng ZM, Hayes DG, Labbe N, Davis M, Stewart CN e Yuan JS (2009) Comparative genome analysis of lignin biosynthesis gene families across the plant kingdom. **BMC Bioinformatics** 10 (Suppl: S3).
- Yang S-H, van Zyl L, No E-G e Loopstra CA (2004) Microarray analysis of genes preferentially expressed in differentiating xylem of loblolly pine (*Pinus taeda*). **Plant Science** 166: 1185–

- 1195.
- Yeh TF, Morris CR, Goldfarb B, Chang HM e Kadla JF (2006) Utilization of polar metabolite profiling in the comparison of juvenile wood and compression wood in loblolly pine (*Pinus taeda*). **Tree Physiology** **26**: 1497–1503.
- Zeleny R, Kolarich D, Strasser R e Altmann F (2006) Sialic acid concentrations in plants are in the range of inadvertent contamination. **Planta** **224**: 222–227.
- Zhao HH, He JT, Liu ZX e Huang JG (2018) Cytotoxicity of chemical constituents from *Torriceilia tiliifolia* DC. on *Spodoptera litura* (SL-1) cells. **Pesticide Biochemistry and Physiology** **144**: 19–26.
- Zhou B, Xiao JF, Tuli L e Ressom HW (2012) LC-MS-based metabolomics. **Molecular BioSystems** **8**: 470–481.
- Zobel BJ e van Buijtenen JP (1989) **Wood variation: Its causes and control**. Springer, Heidelberg, 363p.