

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

**Estudos histológicos e moleculares da interação *Musa* spp. x
Fusarium oxysporum f. sp. *cubense***

Juliana Leles Costa

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

**Piracicaba
2013**

Juliana Leles Costa
Bióloga

**Estudos histológicos e moleculares da interação *Musa spp.* x *Fusarium oxysporum*
f. sp. *cubense***

Orientador:
Prof. Dr. ANTONIO VARGAS DE OLIVEIRA FIGUEIRA

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

Piracicaba
2013

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
DIVISÃO DE BIBLIOTECA - ESALQ/USP

Costa, Juliana Leles

Estudos histológicos e moleculares da interação *Musa* spp. x *Fusarium oxysporum*
f. sp. *cubense* / Juliana Leles Costa. - - Piracicaba, 2013.
196 p: il.

Dissertação (Mestrado) - - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, 2013.

1. Bananeira 2. Fusariose 3. Histopatologia 4. Transcriptoma 5. Expressão gênica
6. Resistência a patógenos I. Título

CDD 634.772
C837e

“Permitida a cópia total ou parcial deste documento, desde que citada a fonte – O autor”

Aos meus pais

Braulino Virgilio Costa e Anoilve Leles de Oliveira Costa,

Por serem meu ‘porto seguro’, pelo amor incondicional e confiança;

Ao meu irmão

Virgilio Leles Costa,

Pelo amor, amizade e confiança;

A minha madrinha e avó

Dinha Dú,

Pelo exemplo de fé, sabedoria e valiosos ensinamentos,

DEDICO

A Deus,

por ser minha fonte de Água Viva,

dando-me vida e saúde diariamente,

para lutar pela realização dos meus objetivos,

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

Ao Prof. Dr. Antonio Figueira, pela orientação, valiosos ensinamentos, amizade e, principalmente pela confiança em mim depositada;

À Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (ESALQ/USP) e ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas pela oportunidade de realização do curso de pós-graduação;

À Embrapa Mandioca e Fruticultura e ao Programa de Melhoramento de Bananeira pela parceria e valiosas contribuições para o trabalho. Muito obrigada à todos os pesquisadores e funcionários envolvidos neste programa de melhoramento;

Ao Dr. Fernando Haddad, pela confiança, amizade, discussões, ajudas e pelo conhecimento compartilhado;

À CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior) pela concessão da bolsa de estudo;

Ao Dr. Eder Jorge de Oliveira, pelo carinho, amizade, incentivos, valiosos ensinamentos e direcionamento para a ‘vida acadêmica’;

Ao Prof. Dr. Fabiano Martins, pela amizade, carinho, confiança, valiosos ensinamentos, por guiar meus primeiros passos na pesquisa e por está sempre pronto a me ajudar no que preciso;

À Bióloga Mônica Lanzoni Rossi, pela amizade, carinho, paciência, pelos valiosos ensinamentos e incentivos;

Ao Dr. Carlos Carlos Ivan Aguilar Vildoso pela amizade, carinho, incentivos e valiosas contribuições no trabalho;

Ao Dr. Roberto Hirochi Herai pelos grandes ensinamentos, amizade e fundamental parceria na análise dos dados de sequenciamento;

À Dra. Cláudia Fortes e Dra. Maria Lorena Sereno pela valiosa contribuição na execução do trabalho;

À Dra. Deborah Sanae Nishimura e ao Dr. Onildo Nunes pela amizade, carinho, atenção e grandes ensinamentos;

Ao Dr. Joni Lima e Dr. Renato Ferreira, pelo apoio, incentivos, contribuições e amizade;

Ao Dr. Marcelo Brandão e Dr. Horacio Montenegro pela ajuda, paciência e disponibilidade da infra-estrutura nas análises de bioinformática;

Aos professores do programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Biologia na Agricultura e no Ambiente, Fisiologia e Bioquímica de Plantas e Estatística e Experimentação pela enorme contribuição na minha formação;

Aos técnicos do Laboratório de Melhoramento de Plantas do Centro de Energia Nuclear na Agricultura – CENA/USP: Felippe Campana, Inês Possignolo, José Alves, Paulo Cassieri, Raquel Orsi e Wlamir Godoy pela amizade e auxílio na execução deste trabalho;

Aos Responsáveis, Técnicos, Pós-doc e Colegas dos Laboratórios: Anatomia Vegetal - Universidade Federal do Recôncavo da Bahia; Biologia Molecular, Biotecnologia Vegetal, Fitopatologia e Virologia – Embrapa Mandioca e Fruticultura; Histopatologia e Biologia Estrutural de Plantas – CENA/USP, Laboratório de Biotecnologia Animal e Núcleo de Apoio à Pesquisa/Microscopia Eletrônica Aplicada à Agropecuária-NAP/MEPA – ESALQ/USP; Multiusuário de Bioinformática pela disponibilidade da infra-estrutura para execução deste trabalho, pelo apoio e amizade;

À secretaria do Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, Léia, pela ajuda e apoio;

Aos funcionários da Biblioteca da ESALQ e CENA, pelo atendimento e atenção dispensada;

Aos Colegas do Laboratório de Melhoramento de Plantas: Amanda Almeida, Amanda Betega, André Tagliaferro, Dra. Angela Artero, Daniela Bardella, Edgard Kamimura, Fabiana

Manarelli, Fernando Ferreira, Dr. Francisco Claudio Lopes, Gabriela Gaspari, Gabriela Juliano, Gyslayne Bitencourt, Ilse Ferrari, Isabella Possignolo, Luis Henrique Damasceno, Letícia Bilato, Marielle Vitti, Mariana Bellotti, Melissa Alves, Roberto Camargo, Rodolfo Maniero, Tais Tomazim, Vanessa Voigt e Verusca Rossi pelo companheirismo, troca de experiências, incentivos, amizade e contribuições no trabalho;

Em especial, aos amigos da salinha: Dr. Eduardo Bressan, Isabela Camargo, Dr. João Nebó Oliveira, Juliana Deganello, Layanne Souza e Thaís Pinheiro, pelo carinho, ensinamentos, convívio, amizade, confiança, troca de conhecimento, enfim por tornar meus dias mais alegres e produtivos;

À Dra. Danielle Scotton pelas contribuições na execução deste trabalho, valiosos ensinamentos, carinho, confiança e amizade;

Ao Raimundo Pereira da Silva, grande amigo, pela amizade, carinho, incentivos, por sempre estar disposto a me ajudar desde a iniciação científica;

À Sônia Storer pela atenção e carinho;

À Fábio pelo amor, amizade, incentivos, ajudas e confiança;

Às minhas queridas amigas: Eliana Rocha, Jackeline Andrade e Shirley Costa pelo carinho, amizade, paciência, incentivos, confiança, por tornar meus dias em Cruz das Almas mais divertidos e infinitas ajudas;

À todos meus amigos da graduação (UFRB), Embrapa (CNPMF), República Riachense, em especial, Almir, Ângelo, Cíntia, Daniela, Diêgo, Eber, Emanuel, Felipe, Flávia, Gilmara, João Marcos, Karinna, Laiara, Luiz Braga, Messias, Nilo, Rose Neila, Seu Epaminondas, Taiana, Taliane, Thaíse, Vânia, Verinha e Yslai pelo carinho, companheirismo, diversão, incentivos, amizade e valiosas contribuições;

Aos meus amigos de ‘infância’ que mesmo distantes acompanharam esta jornada. Nem à distância e nem o tempo vai alterar o carinho e admiração que tenho por vocês, amigos para sempre;

À todos os amigos da pós-graduação, em especial, Adilson, Andréa, Cartiane, Daniel, Juliane, Karina, Lorena, Leandro, Leonardo, Marcela, Márcia, Paula Caroline, Raniere e Wiliane, obrigada pelo carinho, amizade, incentivos e bons momentos;

À Everton Hilo, agradeço pelo seu carinho, incentivos, contribuições, amizade e confiança;

Aos meus afilhados, Adriano, Ayanne, Beatriz, Bruna, Laiane, Lucas, Mariana e Vitor Henrique, agradeço pela paciência, apoio, carinho e confiança;

À Renata Alvarenga, pelo carinho, apoio, confiança, brincadeiras, foi à verdadeira providência de Deus na minha vida;

À Sandra e Sara pela convivência, confiança, carinho e amizade;

Aos amigos do GOU (Grupo de Oração Universitário) pelas partilhas e trocas de experiências;

À Universidade Federal do Recôncavo da Bahia e aos docentes do Curso de Biologia pela minha formação e amizade, especialmente aos professores: Alessandra Caiafa, Edna Lobo, Elinsmar Adorno, Márcio Martins, Phellippe Marbach, Rogério Ribas e Sérgio Rocha;

Aos meus tios e primos pelo amor, amizade e por sempre acreditar na concretização dos meus sonhos;

À todos aqueles que de alguma maneira contribuíram para realização deste trabalho,

MUITO OBRIGADA!

É muito melhor arriscar coisas grandiosas, alcançar triunfos e glórias, mesmo expondo-se a derrota, do que formar fila com os pobres de espírito que nem gozam muito nem sofrem muito, porque vivem nessa penumbra cinzenta que não conhece vitória nem derrota.

Theodore Roosevelt

SUMÁRIO

RESUMO	13
ABSTRACT	15
1 INTRODUÇÃO.....	17
2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	21
2.1 Bananicultura.....	21
2.2 Doença da Bananeira: ‘mal-do-Panamá’	22
2.3 Melhoramento genético de bananeira.....	24
2.4 Resistência de plantas a patógenos	26
2.5 Histopatologia da interação patógeno-hospedeiro.....	28
2.6 Análise de expressão global de genes.....	30
3 MATERIAL E MÉTODOS.....	33
3.1 Material vegetal	33
3.2 Preparo do inóculo, inoculação e coleta de amostras	34
3.3 Avaliação dos sintomas	36
3.4 Análises histológicas	36
3.4.1 Microscopia de fluorescência	36
3.4.1.1 Detecção de compostos fenólicos.....	37
3.4.1.2 Depósito de calose	37
3.4.1.3 Microscopia eletrônica de varredura (MEV).....	38
3.4.2 Extração de RNA total.....	38
3.4.3 Construção das bibliotecas e sequenciamento do RNA	39
3.4.4 Avaliação da expressão gênica por amplificação quantitativa de transcritos reversos (RT-qPCR)	41
3.4.4.1 Desenho dos iniciadores	41
3.4.4.2 Tratamento com DNase	42
3.4.4.3 Análise dos iniciadores por RT-PCR	43
3.4.4.4 Amplificação quantitativa de transcritos reversos (RT-qPCR)	43
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	45
4.1 Avaliações de sintomas	45
4.2 Histologia da interação <i>Musa</i> spp. x <i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>cubense</i>	46
4.3 Análise do perfil transcriptômico via RNAseq	56
4.4 Análise de expressão gênica por amplificação quantitativa dos transcritos reversos.....	71
4.5 Modelo para resistência ao Foc raça 1 em bananeira	77

5 CONCLUSÕES	81
REFERÊNCIAS	83
APÊNDICE	93
ANEXOS	97

RESUMO

Estudos histológicos e moleculares da interação *Musa spp.* x *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*

A doença da bananeira ‘mal-do-Panamá’, causada pelo fungo *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* (Foc) é uma das doenças mais destrutivas da bananeira e é considerada uma das seis doenças economicamente mais importante da história da humanidade. Algumas cultivares resistentes, como a ‘BRS Platina’, foram lançadas pela Embrapa, porém para a sustentabilidade da resistência é necessário entender os mecanismos moleculares envolvidos na resposta de resistência e defesa. O objetivo deste estudo foi caracterizar o processo de infecção pelo Foc raça 1 em três cultivares contrastantes para a resistência e analisar o padrão transcripcional no início da interação. A análise histopatológica indicou que o Foc raça 1 penetra pela raízes laterais e principal, colonizando os espaços inter e intracelular do córtex nas três cultivares. Foram visualizadas, hifas ‘globosas’ na cultivar suscetível ‘Maçã’ com a formação de estruturas de resistência, como clamideósporos. Na cultivar resistente ‘BRS Platina’, foi observado por microscopia óptica no período inicial da interação (24 horas após inoculação) a indução de respostas de defesa da planta, como formação de zona de cicatrização, e aos 15 dias após inoculação, formação de tilose, presença de cristais de oxalato de cálcio e deposição de calose. Foi utilizada a tecnologia Illumina para sequenciamento massal de RNA e abordagens de bioinformática para identificar genes diferencialmente expressos (DE) relacionados com a resposta de defesa de bananeira em interações compatíveis e incompatíveis. O sequenciamento paired-end gerou um total de 113.632.486 fragmentos (*reads*) com alta qualidade. Do total de *reads* alinhados no genoma referência (‘DH-Pahang’), 55.555.480 alinharam-se com genes conhecidos e anotados no genoma referência, sendo utilizados para a análise DE inoculado x não inoculado, permitindo detectar 2.307 genes para as três cultivares. Os genes anotados de cada cultivar foram comparados, sendo identificados quatro genes comuns para as três cultivares, dez compartilhados entre ‘Maçã’ e ‘Prata-anã’, 21 compartilhados entre ‘BRS Platina’ e ‘Maçã’, 114 compartilhados entre ‘BRS Platina’ e ‘Prata-anã’, além de 75 serem exclusivos de ‘Maçã’, 599 de ‘BRS Platina’ e 1484 de ‘Prata-anã’. O mecanismo de resistência/defesa ao Foc em ‘BRS Platina’, ocorre em nível de percepção precoce na presença do patógeno desencadeando resposta de defesa inexistente em ‘Maçã’, e com cinética distinta da cultivar com resposta intermediária (‘Prata-anã’). Dessa forma, os resultados permitiram propor um modelo da resposta de defesa/resistência ao Foc raça 1 em bananeira, baseando-se no nível de indução de genes que codificam para proteínas de reconhecimento do patógeno (*receptor like kinase*), fatores de transcrição (*WRKY* e *MYB*); reforço e síntese de parede celular, degradação da parede celular do fungo (quitinase e glucanases), *heat shocks*, enzimas antioxidantes e na resposta visualizada pela histologia na cultivar ‘BRS Platina’. Sendo assim, este trabalho fornece novas perspectivas para estudos de análise funcional, identificação e anotação de novos genes relacionados a resposta de defesa e resistência ao Foc raça 1.

Palavras-chave: Bananeira; Fusariose; Histopatologia; Transcriptoma; Expressão gênica; Resistência a patógenos

ABSTRACT

Histological and molecular interaction of *Musa* spp. x *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*

The banana Panama disease, caused by fungus *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* (Foc), is one of the most destructive disease of the industry, and it is considered one of the six most economically important of all times. A few cultivars, such as ‘BRS Platina’, were released, but it is still necessary to understand molecular mechanisms involved in defense response and resistance. The objective of this study was to characterize the infection process by Foc in three banana cultivars contrasting for resistance to Foc and to analyze the transcriptional profile at the beginning of interaction. In this way, Foc race 1 penetrated the main and lateral roots, colonizing inter- and intracellular spaces of the root cortex in the three cultivars. Hyphae were globose in the susceptible cultivar ‘Maçã’ with the formation of resilience structure, such as chlamydospores. In the resistant cultivar ‘BRS Platina’, during the initial period of interaction (24 hours after inoculation), induced of plant defense responses, such as a healing zone, tylosis formation, presence of calcium oxalate and callose deposition. The Illumina technology were applied to sequence RNA, followed by bioinformatic tools to identify genes differentially expressed (DE) related to resistance and defense response in the compatible and incompatible interactions. Pair-end sequencing generated a total of 113,632,486 reads with high quality. From the total of aligned reads to the banana reference genome (‘DH-Pahang’), 55,555,480 aligned with gene models annotated in the reference genome. The aligned contigs were analysed for DE, comparing inoculated x non-inoculated, enabling the detection of 2307 genes for the three cultivars. Each annotated gene from each cultivar was compared: four common genes to the three cultiars; 10 genes were shared between ‘Maçã’ and ‘Prata-anã’; 21 shared between ‘BRS Platina’ and ‘Maçã’; 114 shared between ‘BRS Platina’ and ‘Prata-anã’, plus 75 exclusive to ‘Maçã’; 599 exclusive to ‘BRS Platina’ and 1,484 to ‘Prata-anã’. The mechanism of resistance/defense in ‘BRS Platina’, level of perception occurs early in the presence of the pathogen defense response triggering nonexistent in ‘Maçã’ and with kinetics distinct cultivar with intermediate response (‘Prata-anã’). Thus, the results have provided a model of defense response/resistance to Foc race 1 in banana, based on the level of gene induction that encode recognition proteins (Receptor-like Kinase, RLK), transcription factors (WRKY and MYB), cell wall synthesis and reinforcement, degradation of fungal cell wall (chitinases and glucanases), heat shocks , proteins;antio-oxidative enzymes and visualized by histologcal in response cultivar ‘BRS Platina’. The present work offer new perspectives to functional analyses, identification and annotation of new genes related to resistance and defense response to Foc race 1.

Keywords: Banana; *Fusarium* wilt; Histopathology; Transcriptome; Gene expression; Pathogen resistance

1 INTRODUÇÃO

A cultura da bananeira (*Musa spp.*) é a base econômica de diversos países, com destaque para algumas regiões do mundo, como a Ásia e África onde é considerada essencial para segurança alimentar (FAO, 2012). Cultivada principalmente por pequenos produtores, a bananicultura figura entre as atividades agrícolas de maior expressão econômica e social no Brasil. A região Nordeste se destaca como a maior produtora, seguida da Sudeste, representando, respectivamente, 40,4% e 30,6% da produção nacional (FAO, 2012).

Como ocorre em qualquer espécie cultivada, a bananeira é afetada por diversos problemas fitossanitários, destacando-se a ‘Sigatoka-negra’, a ‘Sigatoka-amarela’ e o ‘mal-do-Panamá’ (CORDEIRO; MATOS; KIMATI, 2005). O mal-do-Panamá, causado pelo fungo *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* (Foc) (E.F. Smith) Snyder & Hansen, é uma das doenças mais destrutivas da bananeira e é considerada uma das seis doenças economicamente mais importantes de todos os tempos (PLOETZ, 2005). A doença levou à bancarrota de poderosas empresas bananeiras no início do século passado e também levou ao quase desaparecimento da cultivar ‘Maçã’ do mercado brasileiro (CORDEIRO; MATOS; KIMATI, 2005).

Foc é um patógeno com alto potencial evolutivo, uma vez que já foram relatados 21 grupos de compatibilidade vegetativa (VCG – *Vegetative Compatibility Groups*) e três raças fisiológicas que infectam a bananeira (PLOETZ, 2006). Pelo sistema atual de classificação, a estrutura das raças de Foc em bananeira segue os seguintes critérios, de acordo com as cultivares diferenciadoras: raça 1 infecta ‘Gros Michel’ e ‘Maçã’; raça 2 afeta ‘Bluggoe’ e outras bananas de cocção; e a raça 4 afeta as variedades do subgrupo Cavendish. A raça 4 foi subdividida em subtropical e tropical para diferenciar populações que afetam Cavendish em condições subtropicais (ocorrendo na Austrália e África do Sul, principalmente) ou tropicais (PLOETZ, 1990). A raça 4 Tropical (TR4), foi descrita no início da década de 1990 no Sul da Ásia, onde tem se disseminado rapidamente, causando severos danos e inviabilizando o plantio de bananeira nos locais afetados. Independentemente da ameaça que representa a TR4, o ‘mal-do-Panamá’ é de extrema importância para o Brasil, pois as cultivares mais consumidas no país (subgrupo Prata) apresentam suscetibilidade à doença, fato que também pode estar relacionado a condições edafoclimáticas adversas (PLOETZ, 2006; DALY; WALDUCK, 2006).

Este fitopatógeno é um fungo de solo que sobrevive na forma de clámidósporos em tecido em decomposição de bananeira e no solo até sua germinação ser estimulada pelas raízes do hospedeiro, exsudatos das raízes de espécies não-hospedeiras, ou contato com pedaços frescos de plantas não colonizadas. O primeiro sintoma interno é a coloração pardavermelhada no xilema das raízes laterais e, posteriormente da raiz principal (CORDEIRO; MATOS; KIMATI, 2005; PLOETZ, 2006). Com a progressão da doença ocorre um amarelecimento progressivo das folhas mais velhas para as mais novas. As folhas murcham, secam e quebram junto ao pseudocaule. Em consequência, as folhas ficam pendentes, o que dá à planta a aparência de um guarda-chuva fechado (CORDEIRO; MATOS; MEISSNER FILHO, 2004; CORDEIRO; MATOS; KIMATI, 2005).

Medidas de controle físicas, químicas e biológicas não são eficazes, sendo que, o uso de cultivares resistentes associadas à adoção de boas práticas culturais a medida de controle mais eficaz (PLOETZ, 2006). O desenvolvimento de novas cultivares com maior produção e adaptadas às condições adversas são os principais objetivos dos programas de melhoramento (CORDEIRO; MATOS; KIMATI, 2005). O programa de melhoramento genético de bananeira no Brasil tem sido conduzido pela Embrapa Mandioca e Fruticultura, para a obtenção de cultivares resistentes ao mal-do-Panamá. Algumas cultivares tetraplóides foram lançadas, derivadas do cruzamento entre triplóides do subgrupo ‘Prata’ e diplóides que apresentam resistência ao Foc (CORDEIRO; MATOS; KIMATI, 2005; SILVA et al., 2011).

Os avanços na fisiologia vegetal, bioquímica, genética e genômica nos últimos anos têm contribuído para o entendimento de como as plantas respondem ao estresse biótico e quais os mecanismos responsáveis pelas diferenças na resistência observada (LI et al., 2012). Nesse sentido, estudos de expressão gênica constituem numa importante abordagem para entender processos relacionados a interação planta-patógeno. Metodologias abertas para estudos de expressão gênica como o RNAseq, que envolve o sequenciamento em larga escala de pequenos fragmentos de transcritos empregando sequenciamento de nova geração, associado a disponibilidade do sequenciamento do genoma da bananeira, permitiriam identificar os principais genes envolvidos na resistência e defesa da bananeira ao Foc (WANG et al., 2012; LI et al., 2012).

Estudos histológicos também fornecem informações importantes sobre o comportamento dos genótipos durante a interação com o patógeno e na síntese de compostos envolvidos na resposta de defesa, tais como, a formação de tilose, síntese de parede celular, morte celular programada, liberação de compostos fenólicos, entre outros processos (BECKMAN, 2000; VAN DEN BERG et al., 2007).

Sendo assim, a hipótese do presente trabalho foi averiguar se o mecanismo de resistência ao Foc na cultivar resistente ocorre em nível de percepção precoce na presença do patógeno desencadeando resposta de defesa inexistente na cultivar suscetível, ou com cinética distinta na cultivar com resposta intermediária. Para isso, os objetivos foram caracterizar histologicamente o processo de infecção do Foc em três cultivares de bananeira contrastantes para resposta ao Foc; identificar o transcriptoma dos genótipos na interação com o fungo nos momentos iniciais da interação; avaliar a expressão gênica por RT-qPCR ao longo do tempo nas interações *Musa* spp. x Foc; e sugerir um modelo para resistência ao Foc em bananeira com base nos estudos realizados.

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 Bananicultura

As bananeiras (*Musa* spp.; Musaceae) produtoras de frutos comestíveis são derivadas de hibridações intra ou interespecífica entre subespécies de duas espécies selvagens diplóides, *Musa acuminata* Colla (genoma A) e *Musa balbisiana* Colla (genoma B) (SIMMONDS; SHEPHERD, 1955). A indústria mundial de exportação concentra-se nas cultivares do subgrupo ‘Cavendish’ (AAA), enquanto que, as cultivares mais apreciadas pelo consumidor brasileiro são do subgrupo ‘Maçã’ (AAB) e ‘Prata’ (AAB) (SILVA et al., 1999).

As estatísticas apontam para uma produção mundial em torno de 102 milhões de toneladas, em uma área cultivada de cinco milhões de hectares (FAO, 2012). Em 2012, a área plantada no Brasil foi de 487 mil hectares, com produção de quase sete milhões de toneladas, considerado o quinto produtor mundial (FAO, 2012). A região Nordeste contribui com cerca de 40% da produção e 34% da área cultivada. O consumo efetivo de frutos está na faixa de quatro milhões de toneladas anuais e apenas de 1% da produção é exportada (FAO, 2012).

O Brasil é um dos maiores produtores mundiais de banana, mas que é principalmente comercializada no mercado interno. No Brasil, predominam cultivares locais de constituição AAB, como ‘Prata’, ‘Pacovan’ e ‘Maçã’, que juntas correspondem a aproximadamente 75% da área plantada seguindo-se pelas cultivares do subgrupo ‘Cavendish’ (AAA), como ‘Nanica’ e ‘Nanicão’ (21%) do subgrupo Cavendish (SILVA et al., 1999; 2003)

Como ocorre em qualquer espécie cultivada em grandes áreas, a bananeira é afetada por diversos problemas fitossanitários causados por fungos, bactérias, vírus, nematóides e insetos (CORDEIRO; MATOS; KIMATI, 2005). Contudo, os fungos apresentam maior relevância, pois podem causar, a murcha de *Fusarium* ou ‘mal-do-Panamá’, agente causal *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* (Foc), como também manchas foliares, representadas principalmente pela ‘Sigatoka-negra’ causada por *Mycosphaerella fijiensis* Morelet e ‘Sigatoka-amarela’ causada por *Mycosphaerella musicola* Leach (PLOETZ, 1994, 2006).

O ‘mal-do-Panamá’ é reconhecida como uma das doenças mais destrutivas da bananeira no mundo (VILJOEN, 2002). Em áreas de exportação de banana , o problema não é tão evidente, pois a maioria das cultivares de exportação pertence ao subgrupo ‘Cavendish’,

que são resistentes ao Foc raça 1, que é predominante nestas principais regiões (MATOS et al., 2001; VILJOEN, 2002). Contudo, ao contrário da ‘Sigatoka-negra’, o ‘mal-do-Panamá’ é endêmico em todas as regiões bananicultoras do mundo. Seu controle com fungicidas é inviável por ser um fungo de solo com longo período de sobrevivência, e o uso de cultivares resistentes está limitado pelas dificuldades inerentes da bananeira (cultivares estéreis, partenocárpicas e triploides) e condicionado ao surgimento de novas raças do patógeno (GROENEWALD et al., 2006; SMITH et al., 2006).

As cultivares mais apreciadas para o consumo interno no Brasil é a ‘Maçã’, que está desaparecendo do mercado devido à alta suscetibilidade ao ‘mal-do-Panamá’. Adicionalmente, altos níveis de incidência da doença têm sido constatados nos últimos anos em variedades do subgrupo ‘Prata’, principalmente em perímetros irrigados, aumentando a preocupação com a doença no país (CORDEIRO; MATOS; MEISSNER FILHO, 2004).

2.2 Doença da Bananeira: ‘mal-do-Panamá’

O ‘mal-do-Panamá’, também conhecida como Fusariose ou Murcha de *Fusarium* da bananeira é uma doença endêmica em todas as regiões produtoras de bananas, sendo citada como uma das seis mais importantes doenças de plantas cultivadas, responsável por perdas econômicas na ordem de bilhões de dólares (PLOETZ, 2005). O primeiro registro da doença foi no estado de *Queensland*, Austrália, relatado por Bancroft em 1874, quando foram descritos os sintomas de murcha na cultivar ‘Sugar’ na região de Brisbane, seguindo-se de relatos de ocorrência da doença no Panamá e na Costa Rica em 1890. Posteriormente, foi disseminada, para todos os países da América Central e do Sul (STOVER, 1993; WARDLAW, 1972). No Brasil, o ‘mal-do-Panamá’ foi inicialmente observado em 1930, em Piracicaba, SP e, em apenas 3 a 4 anos, dizimou cerca de um milhão de plantas da cultivar ‘Maçã’ (CORDEIRO; MATOS; KIMATI, 2005). Grandes áreas da cultivar ‘Maçã’ também foram dizimadas em outras regiões do estado de São Paulo, Minas Gerais, Goiás e Espírito Santo (MATOS et al. 1998).

O gênero *Fusarium* é subdividido em seções, *formae specialis* (f. sp.) e raças fisiológicas. Isolados patogênicos de *F. oxysporum* são morfologicamente semelhantes, no entanto, diferem na especificidade em infectar hospedeiros distintos, sendo denominados de f.

sp. Há mais de 120 f. sp. de *F. oxysporum* conhecidas (MICHELSE; REP, 2009). O fungo mitospórico *F. oxysporum* f. sp. *cubense* (E.F. Smith) Snyder & Hansen pertence ao filo Ascomycota, classe Ascomycetes, ordem Hypocreales e a família Tuberculariaceae, cuja forma perfeita não é conhecida (STOVER, 1962). Este fungo é morfologicamente similar a outros membros da espécie *F. oxysporum*, mas separado por sua especialização fisiológica e patológica em relação à bananeira (CORRELL, 1991).

F. oxysporum produz três tipos de esporos assexuais: microconídios, macroconídios e clámidósporos (FOURIE et al., 2011). Os microconídios são produzidos abundantemente em fiálides simples na extremidade dos conidióforos. A quantidade de macroconídios varia bastante, sendo produzidos no ápice dos conidióforos ou na superfície de esporodóquios, apresentando formato fusóide e pontiagudos nas extremidades, com as paredes finas (AGRIOS, 2005; FOURIE et al., 2011). Os clámidósporos apresentam paredes espessas, duplas e rugosas, formato globoso e podem ser formados isolados ou nas extremidades de conidióforos, ou intercalados nas hifas ou nos macroconídios, constituindo as estruturas de resistência (LESLIE; SUMMERELL, 2006). Os clámidósporos de *F. oxysporum* podem ter uma ou duas células, e são considerados esporos de resistência do patógeno, podendo permanecer viáveis no solo na ausência do hospedeiro por mais de 30 anos. Por isso, é importante ressaltar a adoção de medidas que impeçam a entrada do fungo em áreas onde ainda não foi constatada a doença (COSTA; ZAMBOLIM; VENTURA, 2007; KUROZAWA; PAVAN, 2005).

Dentro de f. sp. há uma subdivisão denominada raça. Este conceito é baseado na descoberta de maiores detalhes quanto a suscetibilidade do hospedeiro a todos os tipos clonais distintos do isolado patogênico (SMITH, 2007). O Foc é classificado em três raças fisiológicas de acordo com a patogenicidade para cultivares de bananeira. As raças 1, 2 e 4 são responsáveis por infectar cultivares do subgrupo ‘Gros Michel’ e ‘Maçã’; ‘Bloggroe’; e ‘Cavendish’, respectivamente. Devido a esta especificidade patógeno-hospedeiro, essas cultivares são utilizadas como indicadores para agrupar os diferentes isolados destas raças (PLOETZ, 2006; DALY; WALDUCK, 2006). A raça 4 é dividida em subtropical (STR4) e tropical (TR4). A STR4 causa grandes perdas na produção em regiões subtropicais da Austrália, África do Sul e Ilhas Canárias. Já a TR4 é encontrada em Taiwan, Austrália e Indonésia. Se a raça 4 fosse estabelecida nas Américas, a produção de bananas poderia ser severamente afetada, pois não há cultivares que substitua as ‘Cavendish’ (PLOETZ, 2006).

A infecção das plantas por Foc se inicia no sistema radicular, principalmente pelas raízes secundárias, alcançando posteriormente o xilema, onde ocorre abundante esporulação.

Plantas infectadas exibem um amarelecimento progressivo das folhas mais velhas para as mais novas, começando pelos bordos do limbo foliar e evoluindo no sentido da nervura principal (CORDEIRO; MATOS, 2003; CORDEIRO; MATOS; KIMATI, 2005; PLOETZ, 2006). Como sintomas internos, observam-se pontuações pardo-avermelhadas e descoloração vascular ao se realizarem cortes transversais ou longitudinais no pseudocaule ou rizoma. As pontuações pardo-avermelhadas provavelmente surgem em função da oxidação e polimerização de compostos fenólicos que são lançados no sistema vascular pelas células do parênquima (BEDENDO, 1995; CORDEIRO; MATOS; KIMATI, 2005).

Em genótipos resistentes, a infecção é paralisada devido à formação de gomas e tiloses nos vasos do xilema, enquanto que nas cultivares suscetíveis, a colonização dos vasos continua, estendendo-se ao redor dos tecidos (VANDERMOLEN; BECKMAN; RODEHORST, 1987). Em estádios mais avançados da doença, ocorre a colonização do tecido parenquimatoso adjacente, com a produção de elevada quantidade de conídios e clamidósporos (BEDENDO, 1995). A obstrução dos vasos do xilema é consequência do acúmulo de micélio, esporos, gomas e tiloses, bem como da constrição do vaso, provocada pela proliferação das células adjacentes que compõem o tecido do parênquima (BEDENDO, 1995).

O desenvolvimento da doença está relacionado com a interação patógeno e genótipo da planta e parece ser influenciado pelas condições ambientais (GROENEWALD et al., 2006). O fato da doença ser causada por um fungo de solo, que mesmo na ausência da cultura sobrevive por períodos prolongados, faz com que a medida de controle mais efetiva seja o uso de cultivares resistentes. O patógeno apresenta variabilidade genética, sendo o surgimento de novas raças uma preocupação constante (AGRIOS, 2005; CORDEIRO; MATOS; KIMATI, 2005).

2.3 Melhoramento genético de bananeira

O programa de melhoramento genético de bananeira no Brasil, iniciado pela Embrapa em 1983, baseia-se na hibridação e seleção de recombinantes em nível diplóide, cujo objetivo é concentrar, em um mesmo genótipo, um maior número de caracteres desejáveis, removendo eventuais defeitos inerentes dessas bananas não comerciais (SILVA et al., 2003). Diplóides

melhorados são então cruzados com cultivares triploides, que apresentam fertilidade parcial, para produção de híbridos tetraploidos (SILVA et al., 2003).

Os híbridos desenvolvidos pelo programa de melhoramento genético da bananeira no Brasil se concentram em genitores triploides do subgrupo ‘Prata’ e cultivares com qualidades similares a ‘Maçã’, empregando ‘Yangambi’ (SILVA; MATOS; ALVES, 1998). Cultivares do subgrupo ‘Cavendish’ são via de regra estéreis. A Embrapa também têm direcionado o programa para a produção de híbridos triploides secundários a partir do cruzamento entre híbridos tetraploidos melhorados com diplóides (SILVA; MATOS; ALVES, 1998).

A variabilidade genética se concentra entre as diversas formas selvagens das espécies e subespécies diplóides de *M. acuminata* e *M. balbisiana* que são usadas como genitores masculinos no melhoramento, e devem contribuir no desenvolvimento de variedades mais produtivas e resistentes aos principais estresses bióticos, com porte e ciclo reduzidos, mantendo ou melhorando a qualidade dos frutos (SILVA et al., 2003).

O melhoramento genético de bananeira é complexo e demorado. Para isto contribuem fatores inerentes à cultura, como o ciclo longo, níveis de ploidia, frutos sem ou com pouca produção de sementes, entre outros (OSELEBE; TENKOUANO; PILLAY, 2006). A busca de cultivares resistentes por meio da seleção dentro dos recursos genéticos existentes nas coleções de germoplasma representa a primeira abordagem de identificação, mas há a necessidade de geração de novas cultivares por hibridação, considerado o método mais eficiente de controle (SILVA et al., 1998; SILVA et al., 2003). Entretanto, a esterilidade ou baixa fertilidade feminina das cultivares triploides dificulta ou impossibilita diversas combinações hibridas relevantes (SILVA et al., 2003).

A biotecnologia é empregada como ferramenta auxiliar no desenvolvimento de cultivares, oferecendo alternativas aos programas de melhoramento em suas diferentes fases e muitas vezes propiciando soluções únicas. A mutagênese *in vitro* e transformação genética tem sido empregadas visando à obtenção de novas cultivares (SILVA; MATOS; ALVES, 1998; OSELEBE; TENKOUANO; PILLAY, 2006). PEI et al. (2005) obtiveram bananeira transgênicas resistentes ao Foc TR4 usando o gene da lisozima de humanos, que inibe o desenvolvimento do fungo.

Todavia, um fator que afeta os programas de melhoramento por métodos biotecnológicos para a resistência ao mal-do-Panamá é a falta de conhecimentos sobre os mecanismos estruturais, genéticos e moleculares envolvidos na resposta do hospedeiro e responsáveis pela resistência. Estudos de análise do transcriptoma foram desenvolvidos por Li

et al. (2012) e Wang et al. (2012) com a interação bananeira-Foc TR4 e com genótipos não comerciais do Brasil.

2.4 Resistência de plantas a patógenos

As plantas, assim como animais, possuem mecanismos de defesa inatos para se defenderem dos ataques por patógenos. Essa defesa se dá de duas maneiras distintas. A primeira é definida como *PAMP-triggered immunity* (PTI), também conhecida como defesa basal ou não-hospedeira. A outra é chamada de *effector-triggered immunity* (ETI) ou resistência específica do hospedeiro (JONES; DANGL, 2006; CUI; XIANG; ZHOU, 2009).

A PTI é ativada por padrões moleculares associados a patógenos (PAMPs) ou a micróbios (MAMPs). Esses efetores são reconhecidos por receptores localizados nas membranas das células hospedeiras que são conhecidos como PRR (receptor de reconhecimento específico de padrões). O mecanismo de defesa PTI ocorre imediatamente após o contato com o patógeno e é considerada a primeira linha de imunidade inata em plantas (JONES; DANGL, 2006; ZHANG; ZHOU, 2010).

O segundo sistema imune inato apresentado pelas plantas é o ETI. Este é baseado na interação altamente específica entre efetores do patógeno e produtos dos genes R de acordo com a Teoria Gene a Gene (FLOR, 1971). Os produtos dos genes de avirulência (Avr) do patógeno são reconhecidos direta ou indiretamente pelos genes R, os quais possuem domínios NB-LRR (*nucleotide binding-leucin rich repeat*) (JONES; DANGL, 2006; BOLLER; FELIX, 2009). Essa resistência é muito eficaz no bloqueio de doenças em muitas espécies. Entretanto, esse tipo de resistência pode ser rapidamente superada pelo surgimento de novas raças do patógeno (QUIRINO; BENT, 2003).

Após a ativação do sistema imune inato das plantas, seja por PTI ou ETI, ambos compartilham vias de sinalização semelhantes, incluindo alterações nos níveis de cálcio no citoplasma, produção de espécies reativas de oxigênio e cascata de sinalização via quinases. A amplificação desses sinais se dá por mensageiros secundários como ácido salicílico (SA), ácido jasmônico (JA) e o etileno (ET), resultando na ativação de fatores de transcrição de genes de defesa e, subsequentemente, na resistência sistêmica adquirida ou resistência sistêmica induzida (GRANT; LAMB, 2006; SOUZA et al., 2009).

Nesse sentido, os mecanismos de sinalização envolvidos nas respostas de interação planta-patógeno podem ser divididos em três etapas básicas: percepção do sinal, ou reconhecimento, realizada por receptores celulares específicos ou inespecíficos que reconhecem um determinado sinal; a transdução de sinal, que consiste na transmissão desse sinal para o sítio de ação dentro da célula, podendo ser feita de forma direta ou indireta (via mensageiros secundários, alterações na fosforilação de proteínas e por meio de proteínas-G); e a tradução do sinal, que é a conversão dos sinais em respostas celulares específicas como, por exemplo, a ativação de genes que induzem a síntese de proteínas-PR e de certas enzimas regulatórias do processo de produção de fitoalexinas (CAMPOS; RESENDE; SILVA, 2010).

Os mecanismos de resistência ao *F. oxysporum* parecem ser geneticamente complexo, independente da interação com o hospedeiro podendo ser controlado por poucos ou vários genes. Os Genes R conferem resistência a diversos tipos de patógenos, incluindo vírus, bactérias, fungos, nematóides e insetos, e codificam proteínas similares com domínios NB-LRR. As proteínas NB-LRR possuem dois domínios: C e N-terminal que reconhecem o patógeno e ativam um padrão de transdução de sinal importante na resposta de resistência, respectivamente. Esta classe de genes foi dividida em duas subclasses distintas, baseando-se na presença ou ausência do domínio N-terminal TIR (*Toll Interleukin-1 receptor*) (PERAZA-ECHEVERRIA et al., 2008). Em dicotiledôneas são encontradas proteínas com o domínio N-terminal TIR e non-TIR, enquanto que, em monocotiledôneas e são encontradas proteínas que codificam non-TIR-NBS-LRR na região N-terminal do Gene R.

Pesquisas com mapeamento genético encontrou genes de resistência ao *F. oxysporum* em tomate e melão (SIMONS et al., 1998; JOOBEUR et al., 2004). Em tomate, a família do gene *I-2*, localizado no cromossomo 11, foram alinhados e permitiu determinar que duas regiões dentro do domínio non-TIR-NBS-LRR estão associados à resistência específica a raça 2 do *F. oxysporum* f. sp. *lycopersici* (*Fol*) (SIMONS et al., 1998).

Em melão, a análise da sequência do gene *Fom-2* que confere resistência à raça 0 e 1 do *Fom*, demonstrou que este gene também pertence a classe do domínio non-TIR-NBS-LRR, revelando claro polimorfismo entre genótipos resistentes e suscetíveis. Além disso, comparação entre haplótipos resistentes e suscetíveis evidenciou novos sítios de evolução do gene R pela conversão do *Fom-2* em gene R truncados (JOOBEUR et al., 2004).

Estudos realizados na planta modelo *Arabidopsis thaliana* demonstrou que a resistência a diferentes raças de *F. oxysporum* parece ser controlada por vários genes, descrevendo locos com características qualitativas associados aos NB-LRR na região N-terminal do Gene R (DIENER; AUSUBEL, 2005). Nesse sentido, seis locos foram

identificados em *Arabidopsis*, dentre os quais, o loco *RFO1* que controlam a resistência ao patógeno mediado pelo loco *RFO2*, *RFO4* e *RFO6* (BERROCAL-LOBO; MOLINA, 2008). O loco *RFO1* confere resistência a diferentes *f. sp.* de *F. oxysporum*. Além disso, este loco codifica proteínas associadas à parede celular (WAK-WAKL) que pertencem a família protéica do RLK (*Receptor-like Kinase*) com função de reconhecer o patógeno (BERROCAL-LOBO; MOLINA, 2008).

Estudo realizado por JOHANSSON e colaboradores (2006) demonstraram que *RFO1* é essencial na resistência quantitativa ao fungo *Verticillium longisporum* que possui estratégias de infecção e sobrevivência similares ao *F. oxysporum*. Os mecanismos de interação das plantas ao *F. oxysporum* não estão totalmente elucidados, embora existam alguns genes de resistência reconhecidos e clonados como *RFO1*, *I-2* e *Fom-2*. Estudos adicionais precisam ser realizados para determinar outros componentes moleculares que estão relacionados nesta interação (BERROCAL-LOBO; MOLINA, 2008).

Recentemente, PERAZA-ECHEVERRIA et al. (2008) identificaram cinco classes de RGC (*Resistance gene candidates*) utilizando dois genótipos de *Musa acuminata* ssp. *malaccensis*, resistente e suscetível ao *F. oxysporum*. A análise filogenética e estrutural agrupou os RGCs dentro da subclasse que não possui o domínio TIR na sequência NB. Além disso, os resultados mostraram diferenças na quantificação dos transcritos entre os genótipos resistente e suscetível, evidenciando a possibilidade de identificar genes de resistência ao *Foc* raça 4 (PERAZA-ECHEVERRIA et al. 2008).

2.5 Histopatologia da interação patógeno-hospedeiro

A interação entre um patógeno e seu hospedeiro é uma luta entre dois organismos pela própria sobrevivência, em que as células vegetais reagem à penetração do fungo através de vários mecanismos estruturais e/ou bioquímicos, procurando se defender do ataque do patógeno (PASCHOLATTI; LEITE, 1995). Os mecanismos de defesa de uma planta podem ser estruturais e bioquímicos, ambos pré e/ou pós-formados em relação à tentativa de penetração do patógeno no hospedeiro. Os mecanismos bioquímicos englobam substâncias capazes de inibir o desenvolvimento do patógeno ou gerar condições adversas para a

sobrevivência nos tecidos do hospedeiro (SCHWAN-ESTRADA; STANGARLIN; PASCHOLATI, 2008; STANGARLIN et al., 2011).

Os mecanismos estruturais de resistência atuam principalmente como barreira à penetração ou barreira à colonização microbiana. Estes mecanismos podem ser constitutivos (pré-formados) ou induzidos (pós-formados) (STANGARLIN et al., 2011). O primeiro grupo refere-se a estruturas produzidas pela planta independente da ação de patógenos, exercendo diversas funções na planta além da resistência. Neste grupo pode-se citar a presença de cutícula, forma e número de estômatos, pilosidade, vasos condutores de seiva e camada de sílica (STANGARLIN et al., 2011).

No segundo grupo estão os mecanismos de resistência cuja expressão é desencadeada após o início das atividades do patógeno na superfície do hospedeiro. Esses mecanismos podem ser a formação de halos, papilas, ou lignificação, que são barreiras celulares ou camadas de cortiça, camadas de abscisão, tilose e deposição de gel; sendo estas barreiras histológicas (STANGARLIN et al., 2011). O grau de envolvimento dos fatores estruturais e bioquímicos nas respostas de resistência da planta varia de acordo com o patossistema e, em um mesmo patossistema, de acordo com a idade da planta hospedeira, do órgão e/ou tecido afetado, do estado nutricional e das condições ambientais (JOHAL et al., 1995; STANGARLIN et al., 2011).

Respostas bioquímicas, como a fechamento estomático, síntese de parede celular, morte celular programada, metabolismo de fitoreguladores, liberação de compostos fenólicos, produção de toxinas têm sido citados como mecanismos de defesa ao *F. oxysporum* (BERROCAL-LOBO; MOLINA, 2008). Na interação bananeira x *Foc*, estudos relatam que ocorre a formação de tiloses como um mecanismo de defesa (VANDERMOLEN; BECKMAN; RODEHORST, 1987; DE ASCENSAO; DUBERY, 2003). De acordo com Vandermolen; Beckman; Rodehorst (1987) variedades suscetíveis de banana, como ‘Maçã’, respondem com formação de tiloses, porém tardivamente, permitindo a colonização do *Foc*. De Ascensao; Dubery (2003) comprovaram o acúmulo de compostos fenólicos e lignina nas paredes celulares como parte de mecanismos de defesa nas raízes de bananeiras.

A histologia da interação patógeno-hospedeiro é um recurso eficiente no estudo dos processos de infecção, pois ajuda a esclarecer os eventos pré-penetrção, penetração e colonização do hospedeiro, além de possibilitar entender a fisiologia da interação e determinar com precisão os momentos da interação mais interessantes para as análises moleculares (ARAÚJO; MATSUOKA, 2004).

2.6 Análise de expressão global de genes

Algumas estratégias têm sido adotadas nos programas de melhoramento visando resistência a doença em bananeira, em decorrência das dificuldades inerentes da cultura para o melhoramento convencional. O uso de abordagens de engenharia genética pode contribuir para a resistência ao ‘mal-do-Panamá’, entretanto pouco se sabe sobre as mudanças transcricionais durante a interação planta-patógeno (WANG et al., 2012).

Van den Berg et al. (2007) por *suppression subtractive hybridization* (SSH) mostrou que genes de modificação/reforço da parede celular podem ser importantes na resistência ao Foc. O sequenciamento de 90% do genoma da bananeira [*Musa acuminata* ssp. *malaccensis* var. Pahang (DH Pahang)] de 523 Mpb, no qual foram identificado 36.542 genes preditos, está auxiliando no avanço de estudos moleculares com esta cultura, mas esses dados não são suficientes para entender completamente os mecanismos de resistência ao Foc (D'HONT et al., 2012).

As novas tecnologias de sequenciamento (‘sequenciamento de nova geração’ – NGS), são uma alternativa poderosa para estudos de genômica estrutural e funcional. Todas essas tecnologias promovem o sequenciamento de DNA em plataformas capazes de gerar informação sobre milhões de pares de bases em uma única corrida. Dentre as novas plataformas de sequenciamento, duas já possuem ampla utilização em todo o mundo: a plataforma 454 FLX da Roche (BARBAZUK et al., 2007; EMRICH et al., 2007) e a Solexa da Illumina (LISTER et al., 2008; CARVALHO; SILVA, 2010).

A análise global de sequências de RNA é de extrema importância, principalmente na identificação de novas isoformas, variantes alélicas, SNPs (*Single Nucleotide Polymorphisms*), padrão de expressão gênica e no desenvolvimento de marcadores para seleção assistida, representando uma importante ferramenta para o melhoramento genético no desenvolvimento de novas cultivares e na transferência gênica por cisgenia (BRAUTIGAM; GOWIK, 2010).

A maior parte dos estudos de transcriptomas em plantas foi realizada utilizando os microarranjos de DNA (MARIONI et al., 2008; WANG; GERSTEIN; SNYDE, 2009). Entretanto, esses estudos dependem de um conhecimento genômico prévio e possuem ainda uma faixa de detecção de expressão limitada quando comparados às novas plataformas de sequenciamento (~100 vezes *versus* 10.000 vezes) (MARIONI et al., 2008; WANG; GERSTEIN; SNYDE, 2009).

O RNAseq resulta em milhões de sequências por amostra, o que permite quantificar o nível de expressão gênica com alta precisão e analisar a estrutura do transcriptoma. Em estudos de interação bananeira x Foc raça TR4 e *Piper nigrum-Fusarium solani* foi relatado que o mecanismo de defesa envolve o reconhecimento de PAMPs, modificações da parede celular, sinalização hormonal, fluxo de íons, fatores de transcrição e alto nível de transcritos relacionados à defesa (LI et al., 2012; GORDO et al., 2012; WANG et al., 2012). Nesse sentido, estudos de análise global de transcriptomas permitiriam a descoberta de genes relacionados à resistência/defesa ao Foc. Este é o primeiro estudo de interação da cultivar ‘BRS Platina’ (tipo ‘Prata’) lançada pela Embrapa em 2011 com o Foc raça 1 para o entendimento dos mecanismos moleculares e histológicos da resposta do hospedeiro. A maioria dos estudos de interação com Foc, utilizam cultivares do subgrupo ‘Cavendish’ que não são muito apreciadas pelo consumidor brasileiro.

3 MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram desenvolvidos no Laboratório de Fitopatologia, Biotecnologia Vegetal e Virologia da ‘Embrapa Mandioca e Fruticultura’, no Laboratório de Anatomia e Histoquímica Vegetal da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB), ambos em Cruz das Almas, Bahia; nos Laboratórios de Melhoramento de Plantas e Histopatologia - Biologia Estrutural de Plantas do Centro de Energia Nuclear na Agricultura (CENA/USP); e nos Laboratório de Biotecnologia Animal e Núcleo de Apoio à Pesquisa/Microscopia Eletrônica Aplicada à Agropecuária (NAP/MEPA) da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” (ESALQ/USP), Piracicaba, São Paulo. As análises de bioinformática foram realizadas no Laboratório Multusuário de Bioinformática da Embrapa Informática Agropecuária, Campinas, São Paulo.

3.1 Material vegetal

Foram utilizadas as cultivares resistente ‘BRS Platina’ (subgrupo Prata; AAAB), moderadamente suscetível ‘Prata-anã’ (subgrupo Prata; AAB) e suscetível ‘Maçã’ (subgrupo Maça; AAB) para avaliar a interação das plantas com o fungo *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* (Foc) raça 1.

- ‘Maçã’ (AAB): é uma cultivar nobre para o mercado brasileiro devido seu sabor adocicado, mas é altamente suscetível ao Foc com perdas de 100% na produção. Em locais livres do patógeno a produção pode atingir 25 t/ha/ano (SILVA et al., 1999).

- ‘Prata-anã’ (AAB): cultivada em todo o Brasil, com potencial de produção de 30 a 35 t/ha/ciclo. Porém, sua suscetibilidade às ‘Sigatokas’ amarela e negra e ao ‘mal-do-Panamá’ limitam seu cultivo. Apresenta um nível de resistência maior que a ‘Maçã’ e, a incidência ao mal-do-Panamá, geralmente, fica em torno de 20%. (CORDEIRO; MATOS; MEISSNER FILHO, 2004).

- ‘BRS Platina’ (AABB): é um híbrido tetraplóide desenvolvido pela Embrapa Mandioca e Fruticultura a partir do cruzamento entre ‘Prata-anã’ (AAB) x ‘M53’ (AA). Apresenta bom perfilhamento, porte médio e características tanto de desenvolvimento quanto

de rendimento idênticas às da ‘Prata-anã’. A produtividade média é de 20 t/ha/ano, sendo que, em condições de solo de boa fertilidade pode atingir até 40 t/ha/ano (Boletim, Embrapa 2011). A ‘BRS Platina’ atende à demanda por frutos do tipo Prata, em especial onde há a presença do ‘mal-do-Panamá’, doença que limita a produção da cultivar ‘Prata-anã’ (Boletim Embrapa 2011).

As mudas foram obtidas a partir de cultura *in vitro* e aclimatadas em substrato em casa-de-vegetação pela Campo Biotecnologia, Cruz das Almas, BA. As plantas utilizadas no experimento para a inoculação tinham em média 100 dias de micropagadas, com altura (parte aérea) média de 0,39 m para ‘Maçã’; 0,39 m para ‘Prata-anã’; e 0,50 m para ‘BRS Platina’. O tamanho do sistema radicular das plantas foi de 0,14 m para ‘Maçã’; 0,12 m para ‘Prata-anã’ e 0,18 m para ‘BRS Platina’.

3.2 Preparo do inóculo, inoculação e coleta de amostras

O isolado monospórico de *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* raça 1 ‘CNPMF-0801’ foi originalmente coletado da cultivar ‘Maçã’ na área experimental da Embrapa Mandioca e Fruticultura em 2008 por Lindinéia Rios Ribeiro. Esse é o isolado padrão, comprovadamente patogênico a bananeira, utilizado para estudos de interação bananeira x Foc raça 1. Para a obtenção de cultura pura do Foc raça 1, o isolado foi cultivado em meio BDA (200 g L^{-1} Batata; 20 g L^{-1} Dextrose e 20 g L^{-1} Ágar) mantidos em B.O.D. a 25°C com fotoperíodo de 12 h.

As plantas foram removidas cuidadosamente do substrato e suas raízes foram lavadas em água corrente para retirada do substrato. A inoculação foi realizada por imersão das raízes na suspensão conidial (2×10^6 conídios mL^{-1}) por 1 h (Figura 1A), sendo homogeneizada a cada 10 min, utilizou-se os macroconídios para a contagem e ajuste da concentração. As plantas controles não inoculadas foram submetidas ao mesmo procedimento, porém utilizando água estéril. As plantas foram transplantadas para tubetes contendo substrato estéril (Figura 1B), onde permaneceram em câmara de crescimento durante a condução do experimento.

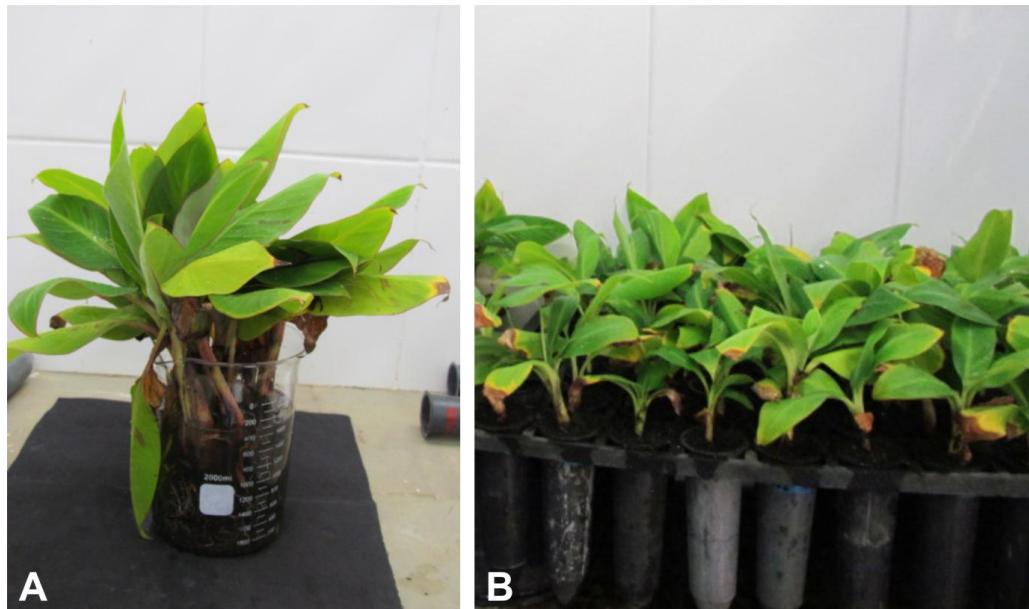


Figura 1 – Plantas de bananeira inoculadas com *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* raça 1. A. Plantas inoculadas por imersão das raízes em suspensão conídial (2×10^6 conídios mL⁻¹) por 1 h; B. Visão geral dos tratamentos inoculados com o patógeno e controles em delineamento inteiramente casualizado

O delineamento experimental foi inteiramente casualizado com 100 plantas para cada genótipo (Figura 1B), consistindo em dois tratamentos (cultivar inoculada com o patógeno ou sem inoculação). Em cada tempo de coleta foram utilizadas: uma planta inoculada e uma planta controle para o estudo histológico e histoquímico; três plantas inoculadas e três controles para as análises moleculares; e dez plantas inoculadas e cinco controles para a avaliação da intensidade da doença com 45 dias após inoculação (DAI).

A evolução da infecção no interior dos tecidos radiculares e as respostas dos genótipos à presença do fungo foram acompanhadas durante 24, 48, 72, 120 e 192 horas após inoculação (HAI) para as análises por microscopia de fluorescência; oito e 15 DAI para o clareamento das raízes e microscopia eletrônica de varredura. As análises do perfil transcripcional por RNAseq dos tratamentos derivaram de um *pool* de tecidos coletados 12, 24, 36 e 48 HAI. As variações na expressão gênica com significância estatística foram selecionadas para análise por amplificação quantitativa de transcritos reversos (RT-qPCR) no período de 0, 12, 24, 36, 48, 72, 120 e 192 HAI.

3.3 Avaliação dos sintomas

A intensidade da doença foi avaliada com 45 DAI, em dez plantas de cada cultivar com base na expressão dos sintomas externos mediante observação da coloração das folhas e cortes transversais do rizoma (MOHAMED, 1999) e internos com exame da descoloração vascular causada pela infecção por Foc (CORDEIRO et al., 1993). As plantas foram classificadas pelo nível de intensidade da infecção causada pelo patógeno, onde foram atribuídas notas de acordo com as seguintes escalas associadas aos sintomas da doença: sintomas internos (0: rizoma sem descoloração; 1: descoloração inicial na junção da raiz e rizoma até 5%; 2: 6-25% de descoloração do rizoma; 3: 26-50% de descoloração do rizoma; 4: Mais de 50% de descoloração) e sintomas externos (0: sem sintomas; 1: amarelecimento inicial em folhas velhas; 2: amarelecimento em folhas velhas com descoloração em folhas jovens; 3: todas as folhas com intenso amarelecimento; 4: planta morta). Os dados de avaliação dos sintomas foram transformados para índice da doença. Os resultados foram submetidos à análise de variância utilizando o software R (<http://www.r-project.org/>), as médias foram comparadas pelo Teste de Tukey a 5%.

3.4 Análises histológicas

3.4.1 Microscopia de fluorescência

Fragments das raízes foram coletados em 24, 48, 72, 120 e 192 HAI. As raízes foram lavadas e armazenadas em solução de 70 mM fosfato de potássio (K_2HPO_4) pH 8,9 a 4°C até o processamento. Para os cortes histológicos foi necessário congelar a raiz em nitrogênio líquido antes deste procedimento. Foram realizados cortes transversais em criomicrótomo (Leica CM1850) com espessura de 60 μm .

3.4.1.1 Detecção de compostos fenólicos

Esta avaliação histológica foi realizada com base em teste de epifluorescência (MARTE; MONTALBINI, 1972; BENNETT, et al., 1996). Os fragmentos das raízes foram cortados em criomicrótomo, montados em solução 70 mM de K₂HPO₄ pH 8,9 e observados em microscópio de fluorescência (Olympus modelo BX51) em luz ultravioleta (excitação 340-380nm com comprimento de onda máximo em 430nm) e luz azul (excitação 450-490nm com um comprimento de onda máximo em 515nm).

3.4.1.2 Depósito de calose

Os cortes transversais de fragmentos radiculares foram corados com solução 0,01% azul de anilina durante 10 min e montados em solução 70 mM K₂HPO₄ pH 8,9 (ESCHRICHT; CURRIER, 1964). Os depósitos de calose foram identificados pela fluorescência amarelo brilhante em luz azul (excitação 450-490 nm com comprimento de onda máximo em 515nm) com o auxílio de microscópio de fluorescência (Olympus modelo BX51).

3.4.2 Clarificação e coloração das raízes

Fragmentos radiculares foram coletados com 1-2 cm de comprimento com oito e 15 DAI para avaliar a colonização dos tecidos do hospedeiro pelo Foc (PHILLIPS; HAYMANN, 1970; BRUNDRETT et al., 1996). Para isso, os fragmentos foram acondicionados em recipientes contendo solução de 10% KOH por 48 h. A solução foi descartada e material biológico foi lavado com água até a completa remoção do KOH. Em seguida, as raízes foram transferidas para solução de 1% HCl durante 5min. Posteriormente a solução foi descartada e as raízes coradas com Azul de Tripan em solução de 0,05% lactoglicerol (2:1:1; v:v:v; ácido láctico:glicerina:água) em temperatura ambiente por 1 h. Em seguida, o corante foi descartado e as raízes foram imersas em solução de lactoglicerol (2:1:1; v:v:v; ácido

lático:glicerina:água) para retirada do excesso do corante. As raízes foram visualizadas e fotografadas em microscópio de luz (Olympus modelo BX51).

3.4.3 Microscopia eletrônica de varredura (MEV)

Fragmentos radiculares com oito e 15 DAI foram coletados e fixados em solução de Karnovsky modificada [2% glutaraldeído, 2% paraformaldeído, 5 mM cloreto de cálcio em tampão 0,05 M cacodilato de sódio (pH 7,2)] por 30 dias e mantidos a 4°C. Foi utilizada a técnica de criofratura, no qual, as raízes foram retiradas do fixador e colocadas em 30% glicerol durante 30 min, congeladas e seccionadas sob nitrogênio líquido. Em seguida as amostras foram pós-fixadas em 1% tetróxido de ósmio por 1 h e desidratadas em série crescente de acetona (uma lavagem a 25%, 50%, 75% por 5 min cada, seguido de duas lavagens de 10 min a 90% e três lavagens de 20 min a 100%).

Posteriormente, as amostras foram secas em aparelho de ponto crítico (Blazers CPD/030) utilizando CO₂ líquido. Os cortes longitudinais e transversais de raiz foram montados sobre suportes metálicos (*stubs*) e metalizadas com ouro durante 3 min. Os fragmentos das raízes foram visualizados no MEV (Zeiss Leo-425VP) no NAP/MEPA – ESALQ/USP.

3.5 Extração de RNA total

As raízes das plantas foram cortadas, lavadas em água corrente e em água destilada, e em seguida, embaladas em papel alumínio, identificadas, congeladas, em nitrogênio líquido de maneira mais rápida possível e armazenadas em ultrafreezer (-80°C) para extração do RNA.

Todos os materiais utilizados no processo da extração de RNA foram tratados com água 0,01% de dietilpirocarbonato (DEPC) ativo por duas horas na capela e secos, antes de serem embalados com papel alumínio, autoclavados a 120°C por 20 min, e secos em estufa (80°C). Todas as soluções utilizadas na extração de RNA foram preparadas com água 0,01%

DEPC inativa (autoclavada) e autoclavadas novamente. O RNA total foi extraído de raiz das plantas inoculadas e não inoculadas, no qual 75 mg de tecido foi macerado em nitrogênio líquido e logo em seguida, foi utilizado o Kit RNAqueous (Ambion), seguindo as recomendações do fabricante. Para conferir a integridade e a concentração do RNA total, as amostras foram observadas por eletroforese em gel de 1% agarose em tampão 1X SB (10 mM NaOH pH 8,5; ajustado com ácido bórico) (BRODY; KERN, 2004) a 3 V cm⁻¹, aplicando-se uma alíquota de 2 µl do RNA total de cada amostra. Para a determinação da concentração e qualidade do RNA total extraído para amplificação quantitativa dos transcritos reversos, uma alíquota de 2 µl foi submetida à leitura em NanoDrop 2000 (Thermo Scientific, EUA). A qualidade e a concentração do RNA para o sequenciamento foram observadas pelo Bionalyzer (Agilent RNA 6000 Nano).

3.6 Construção das bibliotecas e sequenciamento do RNA

Foram construídas seis bibliotecas de cDNA com três genótipos ('BRS Platina', 'Maçã' e 'Prata-anã') sob inoculação com o patógeno e controle (sem inoculação). Os tempos de coleta sequenciados foram 12, 24, 36 e 48 HAI, no qual, foi utilizado 250 ng de cada tempo de coleta e misturado para formar uma única amostra composta (*pool*) em uma concentração final de 1000 ng. Foi utilizado o kit *TruSeq RNA Sample Prep* da Illumina, conforme recomendações do fabricante. As seis bibliotecas foram sequenciadas em *paired-end reads* de 100 pb com tamanho médio de inserto de 200 pb em uma *lane* da *flow cell* no sequenciador HiScan™ SQ System.

3.6.1 Análises de bioinformática do sequenciamento do RNA

O sequenciamento das seis bibliotecas gerou dados em formato Illumina FASTQ que foram analisados com o uso do software *NGS QC Toolkit* (PATEL; JAIN, 2012) para verificar a qualidade dos *reads* sequenciados, bem como a presença de artefatos oriundos do

sequenciamento ou da preparação das amostras sequenciadas, como adaptadores e sequências de baixa qualidade.

Cada uma das bibliotecas filtradas foram então mapeadas contra o transcriptoma de referência de *Musa acuminata* (D'Hont et al., 2012). O mapeamento foi realizado com o uso do software BWA (LI; DURBIN, 2009), que demonstrou melhor desempenho nos alinhamentos quando comparado com os software CLCbio (<http://www.clcbio.com/products/clc-main-workbench/>) e Bowtie (LANGMEAD et al., 2009) com o uso dos mesmos parâmetros e por apresentarem erros nos mapeamentos.

Após a etapa de alinhamento das bibliotecas de *reads* filtrados, foram obtidos os valores de *reads counts*, que representam o número de *reads* que foram mapeados em um gene. Essa metodologia baseia-se na distribuição binomial negativa, aplicada para calcular a variação da expressão de um transcrito entre diferentes amostras, e também a significância estatística da variação de expressão.

Para filtrar a ocorrência de falso positivo, foi aplicado o teste estatístico FDR (*False Discovery Rate*) (BENJAMINI; HOCHBERG, 1995) sobre a significância estatística do valor de expressão gênica entre as amostras. Tais análises foram realizadas com uso do pacote DESeq (<http://www.bioconductor.org/packages/2.6/bioc/html/DESeq.html>) do ambiente estatístico R (<http://www.r-project.org/>). Foram comparados os valores de expressão intra-genótipos (inoculado x controle) no qual, foram considerados genes diferencialmente expressos aqueles com variação de expressão superior a dois (*fold-change*) entre amostras, com significância estatística (*p-value*) menor que 0,05%.

Para cada um dos três tratamentos foi gerada uma lista de genes diferencialmente expressos entre a amostra infectada em relação ao seu respectivo controle. Os três grupos de genes foram então comparados e ilustrados em um diagrama de Venn com o uso de uma ferramenta WEB (OLIVEROS, 2007) que permite automaticamente visualizar a quantidade de genes exclusivos por genótipo, comuns entre pares de genótipos, ou compartilhados entre os três genótipos. Cada uma das listas de genes diferencialmente expressos foi analisada com a ferramenta *Locus search* (<http://banana-genome.cirad.fr/tools.html>) para identificação do lócus e da função de cada gene.

Foram também realizadas análises de ontologia genética baseadas em ontologia gênica (*Gene Ontology*) com os softwares Blast2Go (CONESA et al., 2005; <http://www.blast2go.com/b2gome/>), Agrigo (ZHOU et al., 2010; <http://bioinfo.cau.edu.cn/agriGO/>) e ontologia hierárquica com o software MapMan (USADEL et al., 2009; www.mapman.gabipd.org/).

Para utilização do Agrigo e Mapman, foram identificados os genes de arroz (*Oryza sativa*) que são homólogos aos transcritos diferencialmente expressos de bananeira. Essa associação por homologia foi necessária uma vez que a ferramenta Agrigo e MapMan não possui em sua base de dados informações dos genes de bananeira, sendo o arroz o organismo geneticamente mais próximo. A identificação dos genes homólogos foi feita com a ferramenta GenBlastA (SHE et al., 2009), com homologia mínima de 50%.

3.7 Avaliação da expressão gênica por amplificação quantitativa de transcritos reversos (RT-qPCR)

3.7.1 Desenho dos iniciadores

Foram desenhados iniciadores específicos (Tabela 1) com o uso do software *Primer3Plus* (<http://www.bioinformatics.nl/cgi-bin/primer3plus/primer3plus.cgi>) para alguns genes de sinalização e defesa na interação planta-patógeno, das listas de genes diferencialmente expressos que foram comuns e compartilhados entre as cultivares e exclusivos de cada cultivar. A avaliação da expressão gênica foi realizada em 0, 12, 24, 36, 48, 72, 120 e 192 HAI. Com base na literatura, foi escolhido o gene *Actina2* (HQ853238) como gene de referência; potencialmente ideal para a normalização da expressão gênica em bananeira de diversos tecidos (CHEN et al., 2011).

Tabela 1 – Iniciadores utilizados para avaliação da expressão gênica na interação *Musa* spp. x *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*

ID	Gene	Descrição	Sequência (5'-3')	Amplicon (pb)
GSMUA_Achr5T15720_001	<i>CESA7</i>	<i>Cellulose synthase A catalytic subunit 7</i>	F: GAGAATGGAGAACGGTGCA R: CCCCTCCATGTCCTCTCCA	108
GSMUA_AchrUn_randomT16840_001	<i>PER64</i>	<i>Peroxidase 64</i>	F: GTTGCTCACTGCTCCTCCT R: TGGCTGATCCTGCGTTCTT	146
GSMUA_Achr1T03800_001	<i>GSTU6</i>	<i>Putative Probable glutathione S-transferase</i>	F: GGCTACTTGGACATCGCACT R: GATGTACTCCTCGGCCTG	174
GSMUA_Achr2T13210_001	<i>PRMS</i>	<i>Pathogenesis-related protein 1C</i>	F: CTACACCAAACAGCGCATCG R: CTTCTCGTCGACCCAGCTTT	130
GSMUA_Achr2T13240_001	<i>PRMS</i>	<i>Pathogenesis-related protein 1C</i>	F: GGGAGAACATCTCTGGGC R: GTACTGCTTCTCGTCGACCC	80
GSMUA_Achr4T23110_001	<i>PRMS</i>	<i>Putative Pathogenesis-related protein PRB1-3</i>	F: GCTTGCGTATGCTCTTCGC R: CCCCAGAACATGTTCTCGCC	140
GSMUA_Achr8T15700_001	<i>PI206</i>	<i>Putative Disease resistance response protein 206</i>	F: AGTACAACGGGAGCAGCTTC R: GATGAGCCTGCTGATGGTGT	128
GSMUA_Achr4T26810_001	<i>TPRP-F1</i>	<i>14 kDa proline-rich protein DC2.15</i>	F: CTGCCCTCTTCCTTGCTCTC R: GCATTGCCATGGAAAGAGC	110
GSMUA_Achr1T27310_001	<i>OS05G0567100</i>	<i>Aspartic proteinase oryzasin-1</i>	F: CCTTCTCCCACATTGCCTT R: CAGTGGTCGGAATCCAAA	161
GSMUA_Achr3T20450_001	<i>WRKY50</i>	<i>Superfamily of TFs having WRKY and zinc finger domains</i>	F: GGGTTGCTCGGTGAAGAAGA R: TGTGGTTGTGGATCCCCTCG	86
GSMUA_Achr8T02300_001	<i>OS01G0856500</i>	<i>Auxin transporter-like protein 1</i>	F: GGTCAGCTGCTCCTCCAAT R: AGAACAGCTGCAGGATCACC	102
GSMUA_Achr11T00590_001	<i>PIP2-3</i>	<i>Aquaporin PIP2-3</i>	F: CTCGTCCTCGTCTACACCG R: TCGCCAAGTGGACCATGAAA	122
GSMUA_Achr9T28860_001	<i>UBC10</i>	<i>Ubiquitin-conjugating enzyme E2-17 kDa</i>	F: GGGTCCCCCAGATAGTCCTT R: GGTTAATGCAGGGCTCCACT	181
HQ853238.1*		<i>Actina2</i>	F: CTTAGCACTTCCAGCAGATG R: ACACCAAAAAACTACCCCGAC	137

*Gene de referência.

3.7.2 Tratamento com DNase

Para digerir o DNA contaminante, 700 ng de RNA total de cada amostra foi tratado com a enzima DNase I (Fermentas). Foi utilizado 1 U μL^{-1} de DNase acrescida do tampão apropriado, 1 U de *RNAseout* (Invitrogen) e água ultrapura (Mili-Q) estéril tratada com 0,01% DEPC para um volume final de 20 μl . A reação foi incubada no termociclador *Applied Biosystems* (Modelo Veriti) a 37 °C por 40 min. Em seguida foi adicionado 2 μl de 25 mM EDTA, incubado a 65°C por 10 min, seguido de resfriamento a 4°C. Em seguida, a metade do volume do RNA total tratado foi utilizado para a síntese de cDNA e a outra metade guardada em ultrafreezer (- 80 °C).

3.7.3 Síntese de cDNA

A síntese de cDNA foi realizada utilizando 10 µl de RNA tratado com DNase, acrescentando 1 µl de 50 µM do iniciador poli-T (oligo-dT, 18 pb), 1 µl de dNTP a 10 mM e 3 µl de água Mili-Q estéril, num volume final de 15 µL, e em seguida incubado por 5 min à 65°C e resfriado à 4 °C por 5 min. Para a transcrição reversa, adicionou 20 U de *Ribolock RNase Inhibitor* (Fermentas), 200 U da enzima *Revertaid Premium Reverse Transcriptase* (Fermentas) acrescida do tampão da enzima adequado 5X *RT Buffer* (Fermentas), num volume final de 20 µL. A reação foi incubada no termociclador *Applied Biosystems* (Modelo Veriti) a 60°C por 30 min e 85°C por 5 min para inativação da reação. Depois de sintetizados, os cDNAs foram armazenados a -20°C.

3.7.4 Análise dos iniciadores por RT-PCR

Para certificar a identidade de amplificação dos iniciadores confeccionados para as análises de expressão gênica por RT-qPCR, foi conduzida a reação de amplificação, utilizando 3 µl do cDNA na diluição 1:10 (v:v); 0,2 mM de dNTP; 0,2 µM de cada iniciador, 2 mM de MgCl₂; 1 U da enzima *Taq DNA polimerase* (Fermentas) em tampão apropriado e água Mili-Q estéril, num volume final de 25 µl. A termociclagem foi realizada no termociclador *Applied Biosystems* (Modelo Veriti) à 94 °C por 4 min; 35 ciclos de 94 °C por 30 s, 60 °C por 30 s e 72 °C por 30 s e extensão final à 72 °C por 5 min. O produto da amplificação foi visualizado em gel 1% agarose com tampão 1X SB (BRODY; KERN, 2004) a 3V cm⁻¹.

3.7.5 Amplificação quantitativa de transcritos reversos (RT-qPCR)

Para cada gene foram conduzidas duas repetições técnicas, uma biológica e o controle negativo (água). As análises de RT-qPCR foram conduzidas em termociclador centrífugo

RotorGene 3000 (Corbett Research, Austrália), utilizando 3 µl de cDNA tratado com DNase I na diluição 1:10 (v:v); 0,5 µM dos iniciadores gene-específicos; 1X de *Platinum SYBR-green qPCR SuperMix-UDG* (Invitrogen). A amplificação conduzida em incubações iniciais a 50 °C por 2 min, 95 °C por 2 min e seguidos de 40 ciclos de 95 °C por 15 s e 60 °C por 30 s, com detecção do sinal da fluorescência ao final de cada etapa de extensão. A curva de *melting* foi determinada após o término dos ciclos de reações de cada produto amplificado entre 72 e 95°C.

A eficiência de amplificação de cada par de iniciadores foi determinada por curva padrão, com três diluições seriadas dos cDNAs utilizados (1/4, 1/8 e 1/10) (Apêndice A) e pelo coeficiente R² resultante. A aquisição dos dados em tempo real foi efetuada com o programa RotorGene Real-Time Analysis 6.0 (Corbett Research, Austrália). Em seguida, valores dos C_q (*quantification cycle*) foram utilizados para determinar a diferença da expressão gênica entre o tratamento inoculado e controle para os diferentes tempos de coletas. Os valores de expressão para cada uma das amostras foram normalizados pelo gene de referência *Actina2* e calculou-se a variação quantitativa de expressão dos genes de interesse das amostras inoculadas (nos tempos 0, 12, 24, 36, 48, 72, 120 e 192 HAI) de forma relativa ao controle (não inoculado no tempo 0 h), de acordo com Pfaffl; Horgan; Dempfle (2002).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Avaliações de sintomas

O *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* mostrou-se infectivo, agressivo e efetivo em provocar danos às plantas das cultivares suscetíveis (Figura 2). Os quadrados médios para os tratamentos foram todos significativos pelo teste de Tukey ($p<0,05$), evidenciando que os tratamentos (cultivares) são geneticamente contrastantes (Tabela 2).

Foi observado que nas plantas de ‘Maçã’, como esperado, o patógeno apresentou alto grau de severidade, sendo que, a maioria das plantas não resistiu à inoculação (Figura 2A). A descoloração dos rizomas apresentou grau elevado em concordância com os sintomas externos (Tabela 2, Figura 2B). As plantas analisadas de ‘Prata-anã’, apresentaram grau intermediário de sintomas da doença (Tabela 2, Figura 2C e D). A Figura 2C mostra que plantas de ‘Prata-anã’ inoculadas com Foc desenvolveram muito pouco em relação ao controle. A cultivar ‘BRS Platina’ mostrou-se resistente ao Foc, com média de 2,8 na escala de sintomas externos e não apresentou sintoma interno da doença (Tabela 2). Não houve diferença visual entre os tratamentos na ‘BRS Platina’, sem diferenças no crescimento das plantas (Figura 2E e F).

A infecção das plantas inicia-se por meio do sistema radicular, principalmente pelas raízes secundárias e ferimentos naturais, alcançando posteriormente, o xilema, onde ocorre abundante esporulação. Plantas infectadas exibem um amarelecimento progressivo das folhas mais velhas para as mais novas, começando pelos bordos do limbo foliar e evoluindo para a nervura principal. Posteriormente, as folhas murcham, secam e se quebram junto ao pseudocaule. Dependendo do nível de resistência da cultivar, plantas doentes não chegam a produzir cachos, ou aquelas que produzem, possuem frutos com valor comercial comprometido (CORDEIRO; MATOS, 2003; CORDEIRO; MATOS; KIMATI, 2005; PLOETZ, 2006). A comprovação fenotípica do comportamento dos genótipos em relação à interação com o Foc fornece segurança para os estudos histológicos e moleculares posteriores.

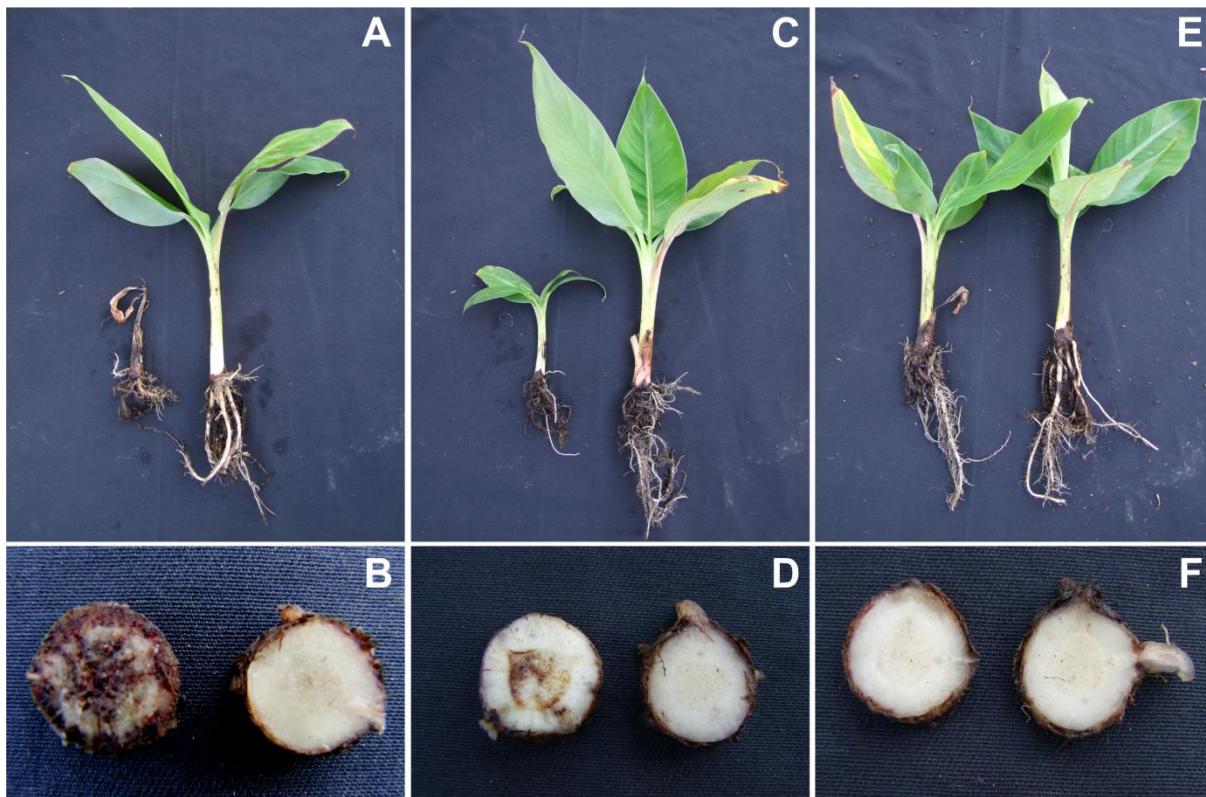


Figura 2 – Sintomas externos (A, C e E) e internos (B, D e F) do mal-do-Panamá 45 dias após a inoculação com *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* raça 1 em câmara de crescimento (plantas inoculadas a esquerda em cada foto e a direita plantas não inoculadas). A – B: ‘Maçã’; C – D: ‘Prata-anã’; e E – F: ‘BRS Platina’

Tabela 2 – Média da incidência de doença em cultivares de bananeiras inoculadas com *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*

Tratamentos	Índice de doença	
	Externo	Interno
Maçã	80,6a	88,9a
Prata-anã	27,78b	38,9b
BRS platina	2,8c	0c
CV (%)	18,4	14,6

Médias seguidas da mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey ($p<0,05$).

4.2 Histologia da interação *Musa spp.* x *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*

Na Figura 3 estão apresentados as imagens para detecção de compostos fenólicos sob luz ultravioleta, sendo as amostras controles dos genótipos ‘Maçã’ (Figura 3A), ‘Prata-anã’ (Figura 3B) e ‘BRS Platina’ 24 h (Figura 3C). Neste período, foi evidenciado que as células da epiderme de ‘BRS Platina’ estão em intensa divisão celular (Figura 3F), o que não foi

observado nas outras cultivares (Figura 3D e E), sugerindo que houve interação do fungo com as cultivares, mas que somente ‘BRS Platina’ apresentou zona de cicatrização, aparentemente em resposta ao desafio pelo patógeno. As células do córtex possuem totipotência, isto é, a capacidade de se desdiferenciarem e diferenciarem, sendo assim, após injúria pode ser formado tecido parenquimático, que irá regenerar o local lesionando, denominado de tecido de cicatrização (APPEZATO-DA-GLORIA; CARMELO-GUERREIRO, 2003).

Em cinco DAI, foi evidenciado a colonização do fungo no espaço intercelular na região do córtex na cultivar suscetível (Figura 3J, seta preta). Na cultivar resistente ‘BRS Platina’ foi observado tecido de cicatrização (Figura 3L, seta preta). Na ‘Prata-anã’ inoculada (Figura 3K) não foi observada nenhuma estrutura do patógeno e nenhum mecanismo de resposta aparente. Nos tratamentos controles de cada cultivar não foram evidenciadas estruturas do patógeno (Figura 3G, H e I).

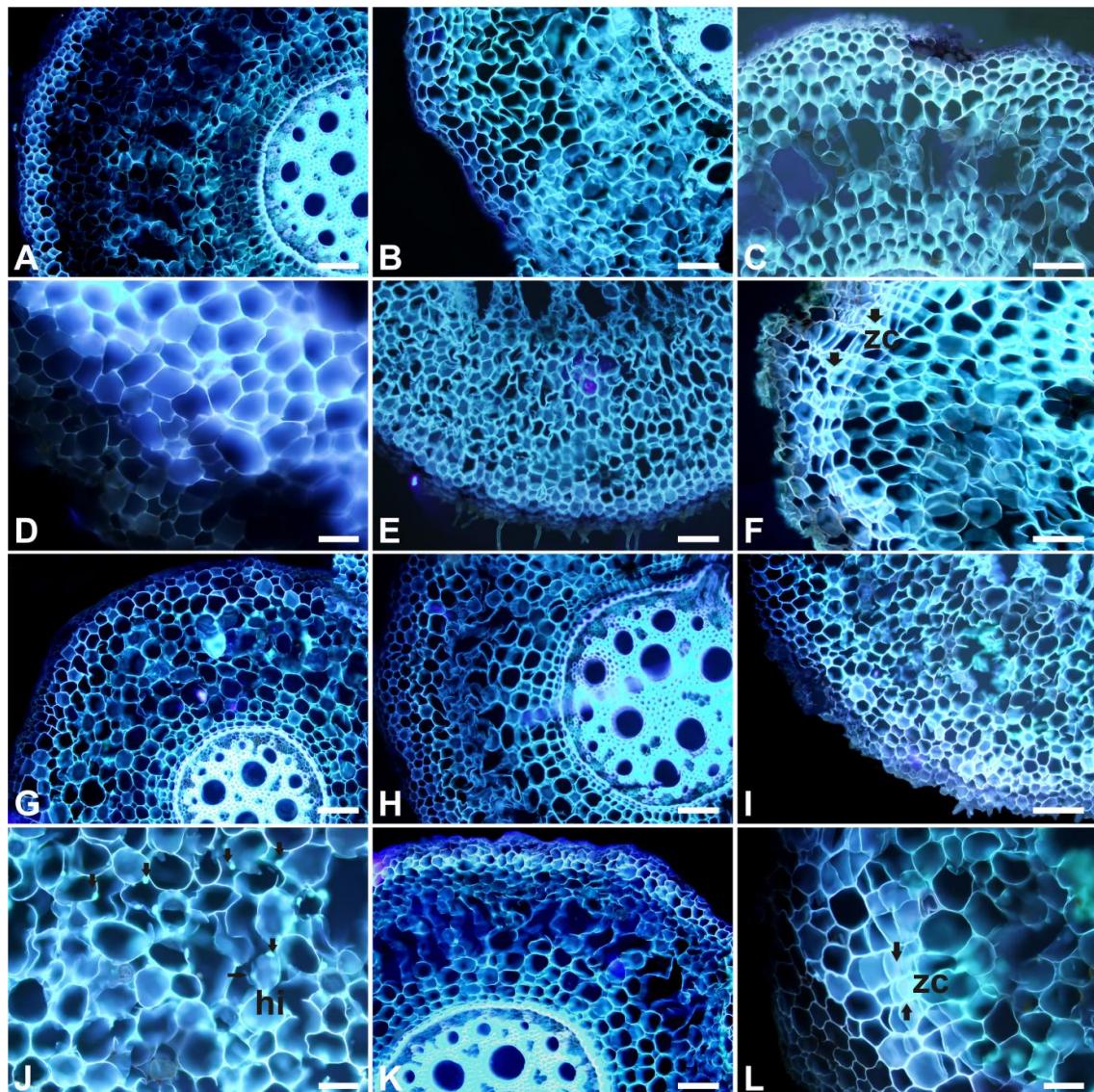


Figura 3 – Corte transversal de raiz de bananeira analisadas por microscopia de fluorescência em ‘luz ultravioleta’. Tratamentos controles com 24 h para a cultivar Maçã (A), Prata-anã (B) e BRS Platina (C). Maçã’ (D) e ‘Prata-anã’ (E) 24 horas após inoculação (HAI) com *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* raça 1 e zona de cicatrização em 24 HAI na ‘BRS Platina’ (F). Tratamentos controles em cinco dias para a cultivar Maçã (G), Prata-anã (H) e BRS Platina (I). Colonização do patógeno na ‘Maçã’ em cinco dias após inoculação (DAI) (J). ‘Prata-anã’ cinco DAI (K). Zona de cicatrização em cinco DAI na ‘BRS Platina’(L). zc: zona de cicatrização; hi: hifa; setas: local onde estão as hifas. Barras: A – B – E – G – H – K= 200 µm; C – F – I= 250 µm; D – L= 100 µm

Pela técnica de clareamento de raízes e coloração com azul de tripan, não foram observadas estruturas do patógeno nas amostras controle de cada genótipo (Figura 4A, B e C). Nas amostras inoculadas, as análises permitiram detectar a colonização do patógeno dentro do xilema após oito DAI na cultivar suscetível (Figura 4D) e moderadamente suscetível (Figura 4G). Nesse mesmo tempo, não foi evidenciada a colonização do patógeno na cultivar resistente (Figura 4I).

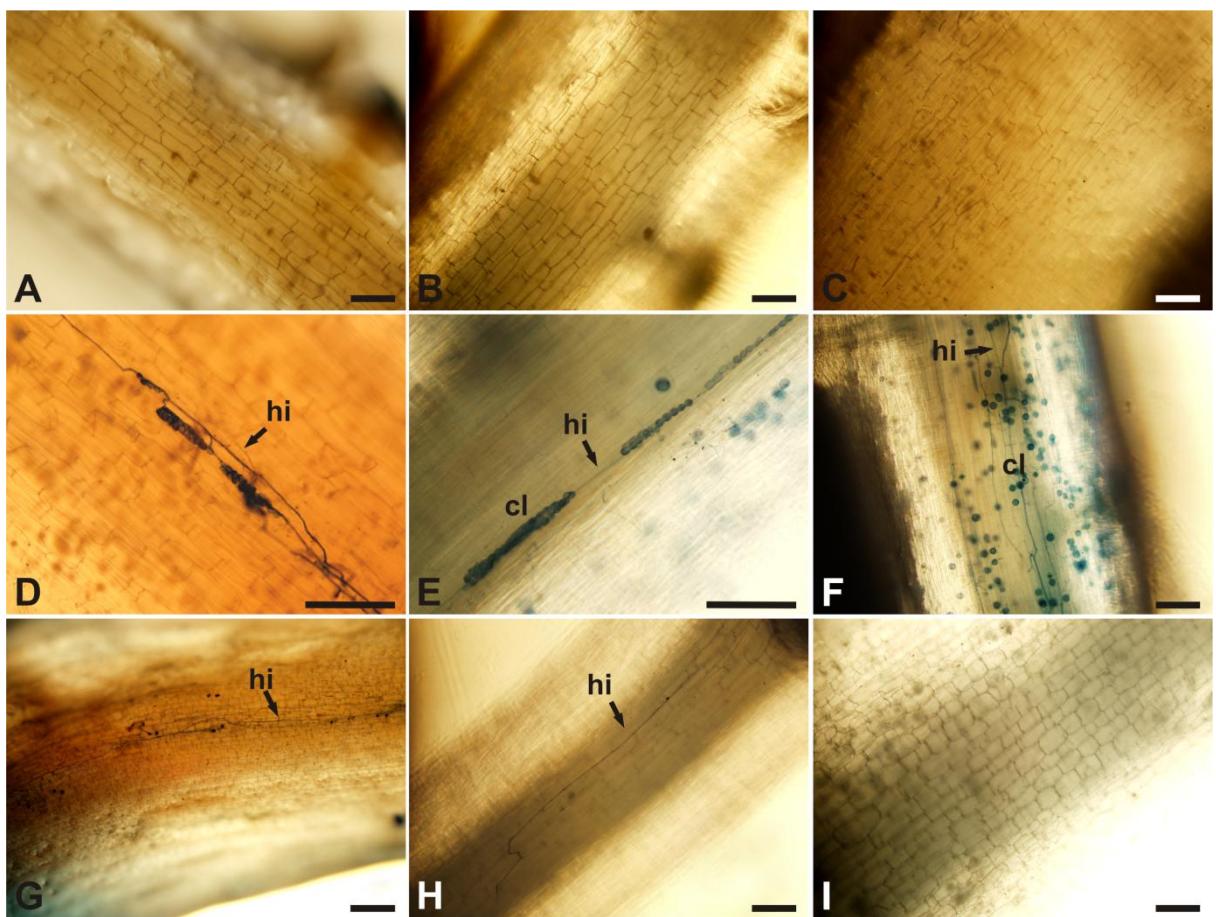


Figura 4 – Clareamento e coloração de estruturas fúngicas em raiz de bananeira. Tratamentos controles não inoculado para a cultivar ‘Maçã’ (A), ‘Prata-anã’ (B) e ‘BRS Platina’ (C). Maçã inoculada por *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* (Foc) raça 1 em oito dias após inoculação (DAI) (D) e 15 DAI (E e F) com visualização de hifas e clamidósporos. ‘Prata-anã’ inoculada com Foc oito DAI (G) e 15 DAI (H). Não foi observada nenhuma estrutura do patógeno na ‘BRS Platina’ em oito DAI e 15 DAI, por isso foi apresentado apenas uma imagem destes períodos (I). hi: hifa; cl: clamidósporo. Barras: A – B – C – D – E – F – H – I= 200 µm; G= 500 µm

Por microscopia eletrônica de varredura não foi possível observar estruturas do Foc nos tratamentos controle para oito e 15 DAI na cultivar ‘Maçã’ (Figura 5A, B e C), ‘Prata-anã’ (Figuras 6A e B) e ‘BRS Platina’ (Figura 7A e B), observando o córtex e cilindro vascular. Em oito DAI, foi possível observar a colonização do fungo dentro das células, próximo a parede celular do córtex e no interior das células do xilema em ‘Maçã’ (Figura 5D, E e F) e ‘Prata-anã’ (Figura 6C e D), que também apresentou clamidósporos isolados (Figura 6E e F). Não foram observadas estruturas de Foc em ‘BRS Platina’ (Figura 7C).

As imagens evidenciam que em 15 DAI também foi observada a colonização por Foc nas células do córtex de ‘Maçã’ (Figura 5G, H e I) e no xilema, com formação abundante de estruturas de resistência (clamidósporos) isolados e em cadeia (Figura 4E e F).

Formações de clámidósporos isolados e em cadeia foram observados na ‘Prata-anã’ em oito DAI (Figura 6E e F) e ‘Maçã’ com 15 DAI (Figura 4E e F). Segundo Leslie e Summerell (2006), ocorre formação abundante de clámidósporo em muitos isolados de *F. oxysporum* entre duas e quatro semanas, geralmente, formados em pares, isolados, em *clusters* e em pequenas cadeias com aparência lisa ou rugosa.

Após o fungo entrar no sistema radicular, a hifa cresce nos espaços inter e intracelulares, conforme indicam as figuras 3J, 5E, F, G, H e I e 7D, até atravessar a endoderme (estrias de Caspary) e colonizar o tecido vascular (xilema) (Figuras 4D, E, F, G, H; 5D; e 6C, D, E e F). Nos vasos xilemáticos, ocorre grande produção de microconídios, que são transportados pela seiva. Os microconídios germinam e penetram nas paredes dos vasos, produzindo mais microconídios que, através das pontuações e plasmodesmos, irão germinar nos vasos adjacentes (PERAZA-ECHEVERRIA, 2007). Na cultivar resistente, não foi possível visualizar a hifa dentro da raiz nos momentos iniciais, mas foi observado que a cultivar resistente estava respondendo contra o patógeno com tecido de cicatrização(Figura 3F).

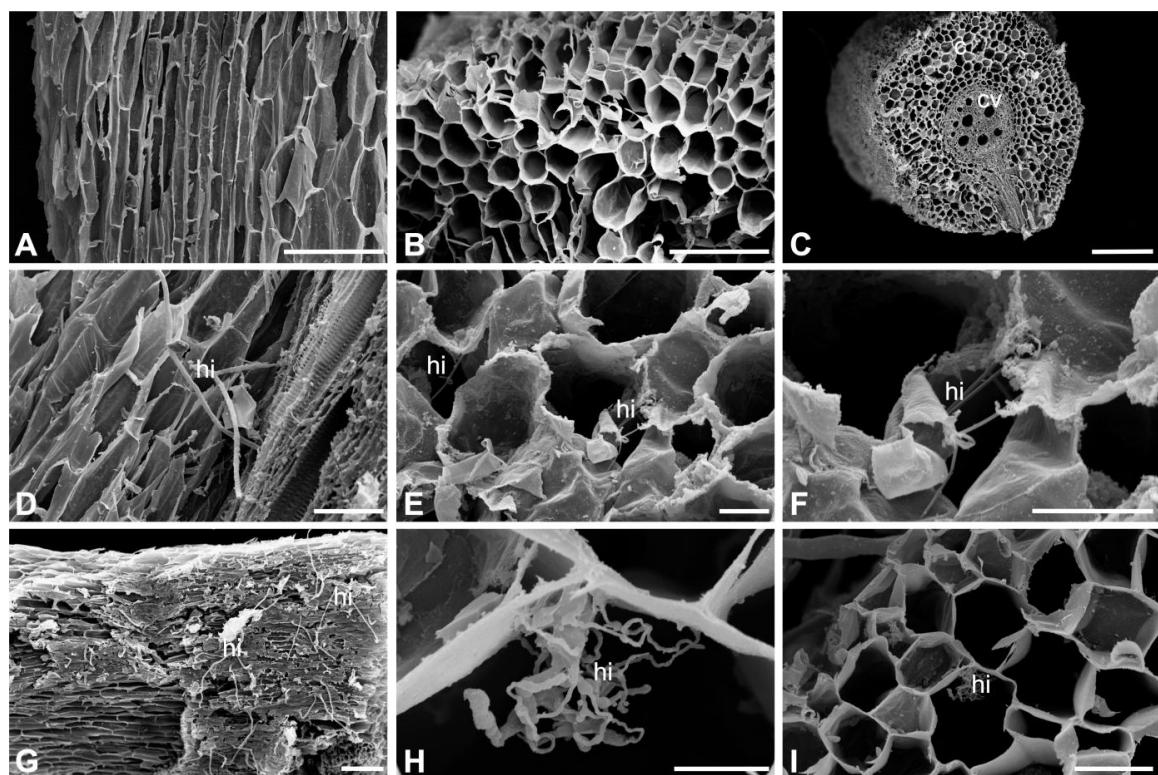


Figura 5 – Corte transversal e longitudinal de raiz de banana Maçã por Microscopia Eletrônica de Varredura. Tratamento controle (não inoculado) (A, B e C). Colonização do *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* (Foc) raça 1 no tecido radicular em oito dias após inoculação (DAI) (D, E, e F) e em 15 DAI (G, H e I). cv: cilindro vascular; hi: hifa. Barras: A – B – G= 200 µm; C= 400 µm; D= 100 µm; E – F= 20 µm; H= 10 µm; I= 40 µm

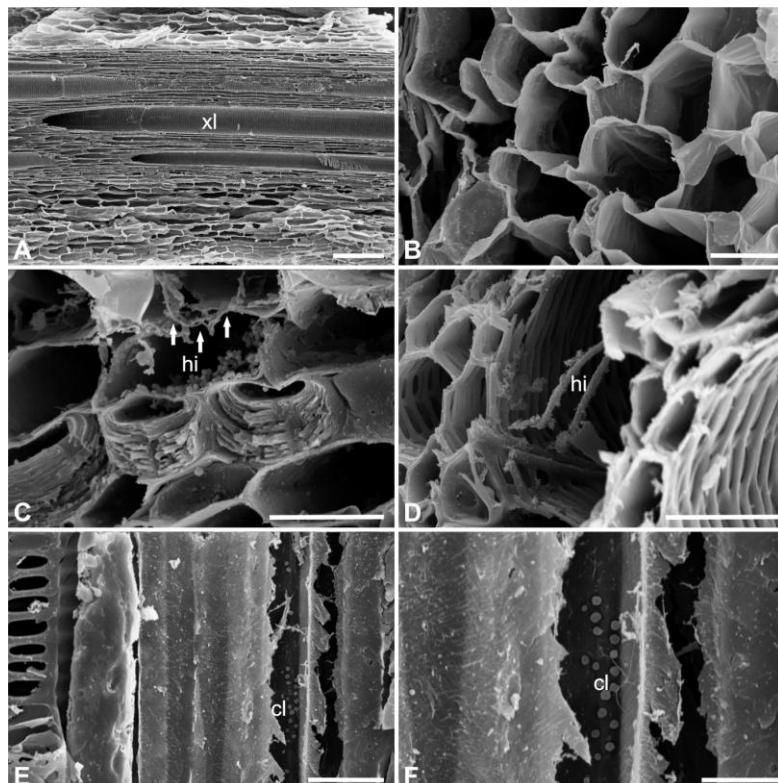


Figura 6 – Corte transversal e longitudinal de raiz de bananeira Prata-anã por Microscopia Eletrônica de Varredura. Tratamento controle (A e B). Colonização do *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* (Foc) raça 1 no xilema (C e D) e formação de clamidósporos (E e F) em oito dias após inoculação (DAI). xl: xilema; hi: hifa; cl: clamidósporos. Barras: A= 300 µm; B= 40 µm; C – D – E= 20 µm; F= 10 µm

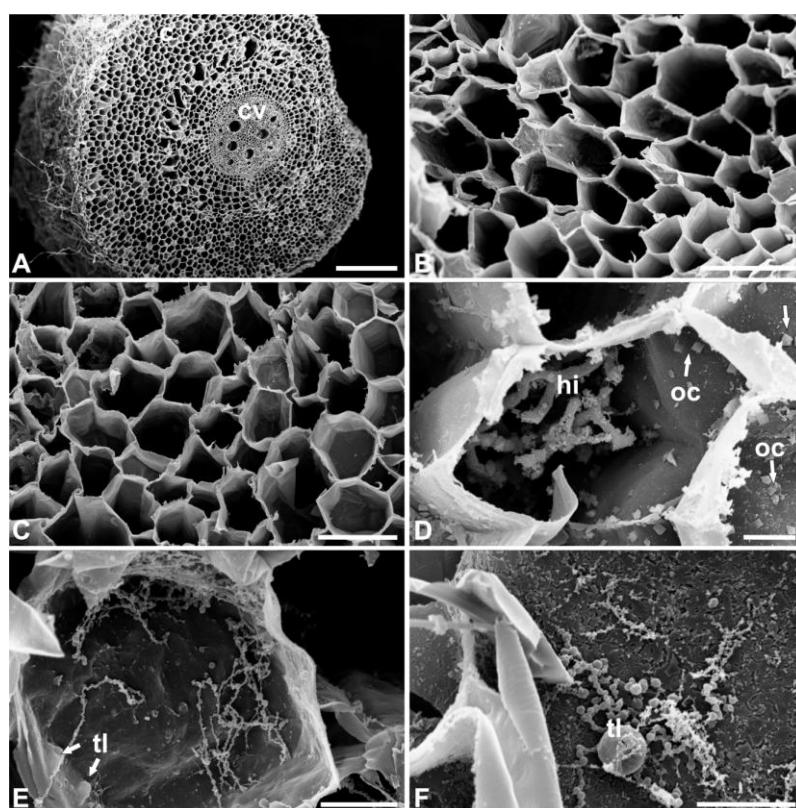


Figura 7 – Corte transversal e longitudinal de raiz de bananeira ‘BRS Platina’ por Microscopia Eletrônica de Varredura. Tratamento controle (A e B). Não foram observadas estruturas de

infecção de *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* (Foc) raça 1 em oito dias após inoculação (DAI) (C). Colonização do Foc no córtex em 15 DAI (D) com presença de oxalato de cálcio e tiloses (E e F). cv: cilindro vascular; hi: hifa; oc: oxalato de cálcio; tl: tiloses. Barras: A = 500 µm; B – C = 100 µm; D – E – F = 10 µm

Aos 15 DAI foi observada a colonização do xilema de ‘Prata-anã’ empregando a técnica de clareamento e coloração com azul de tripan (Figura 4H). Houve problemas no processamento das amostras de ‘Prata-anã’ deste período para observação por MEV. Não foram visualizados estruturas do Foc em ‘BRS Platina’ aos oito e 15 DAI (Figura 4I) pela técnica de clareamento de raízes.

Por microscopia eletrônica de varredura foi possível observar a colonização por Foc de ‘BRS Platina’ aos 15 DAI (Figura 7D). Porém, a hifa apresenta paredes espessas e menor crescimento em relação à hifa presente na cultivar suscetível (Figura 5H) . Além disso, foram vistos inúmeros cristais de oxalato de cálcio ao redor da hifa e nas paredes das células do hospedeiro (Figura 7D).

Oxalato de cálcio pode ser encontrado em mais de 215 famílias vegetais (DOEGE, 2003). O tamanho e a forma dos cristais presentes em certos tecidos vegetais sugerem que o oxalato de cálcio desempenha um importante papel na defesa (FRANCESCHI, 2001). Esses monocristais de oxalato de cálcio são armazenados nos idioblastos, que por sua vez, apresentam vacúolos com substâncias derivadas do metabolismo secundário das células do parênquima (ROCHA; NEVES; PACE, 2002). A degradação destes monocristais em plantas pode produzir espécies reativas de oxigênio, como, H₂O₂, o qual foi observado em resposta à infecção por patógenos e tem sido relacionado com a inibição da infecção (CEITA et al., 2007).

Além dos cristais como suposto mecanismo de defesa de ‘BRS Platina’, foi também observada a formação de tilose (Figura 7E e F). Segundo Matiello; Barbieri e Carvalho (1997), as tiloses são formadas por protusões da parede celular nas células do xilema, por meio de orifícios dentro dos vasos. Estrutura semelhante foi observada na cultivar ‘BRS Platina’ aos 15 DAI (Figura 7E). As tiloses são encontradas nas células xilemáticas, com tamanho variando de 8-25 µm de diâmetro. Durante o desenvolvimento inicial e intermediário, as tiloses são pequenas saliências bulbosas diferindo apenas no tamanho. Quando estão maduras, são grandes, globosas, amorfas ou granulares (HARPER et al., 2012).

No processo de formação da tilose, a parede secundária sofre um espessamento. Esse mecanismo ocorre mais rápido em cultivares resistentes de bananeira do que em suscetíveis infectadas com o Foc (VANDERMOLEN; BECKMAN; RODEHORST, 1987). Segundo

Vandermolen; Beckman e Rodehorst (1987), a cultivar resistente de bananeira ‘Valery’ produz tilose dentro dos vasos condutores. Após dois dias de inoculadas, a cultivar ‘Valery’ começou a produzir tilose e após oito dias as tiloses possuíam tamanho relativamente grande que bloqueava o interior do vaso (VANDERMOLEN; BECKMAN; RODEHORST, 1987). A barreira de tilose próxima à infecção, juntamente com compostos fenólicos e outros metabólitos de estresse, formam uma estrutura ‘lignificada’ que isola o local de infecção. Esta estrutura ‘lignificada’ pode ser responsável por algumas mudanças na camada de proteção e na deposição primária de parede celular (VANDERMOLEN; BECKMAN; RODEHORST, 1987).

Várias estruturas formadas pela modificação da parede celular têm a função de proteger as plantas de agentes infecciosos, dentre elas, carboidratos, géis, tiloses, lignina e ácidos fenólicos (MATIELLO; BARBIERI; CARVALHO, 1997). Em doenças vasculares, a produção de tiloses geralmente ocorre associada à formação de géis e gomas (VANDERMOLEN; BECKMAN; RODEHORST, 1987). Esse mecanismo de defesa envolve a oclusão total ou parcial dos vasos de xilema, visando limitar o crescimento de microrganismos patogênicos (OUELLETTE; RIOUX 1992).

O sucesso da infecção de patógenos depende da capacidade das plantas em reagir durante a invasão dos tecidos vasculares. Plantas jovens de *Platanus acerifolia* infectadas com *Ceratocystis fimbriata* f. sp. *platani* mostraram diferenciação do tecido vascular em estruturas de defesa, como tilose, poucos dias após a inoculação, limitando a área de infecção do patógeno (CLERIVET et al., 2000). O mesmo processo parece ocorrer na bananeira ‘BRS Platina’ pois as mudas inoculadas possuíam aproximadamente três meses.

A deposição de calose, foi identificada por fluorescência em amarelo após coloração com azul de anilina na cultivar resistente (Figura 8F e I). Em ‘Prata-anã’, a deposição de calose também foi evidenciada, mas com menor intensidade do que em ‘BRS Platina’ (Figura 8E e H). Na cultivar suscetível não foi observada a fluorescência e, os vasos do xilema (onde o fungo coloniza) estavam preenchidos com a massa micelial do patógeno (Figura 8D e G). Nos tratamentos controle da cultivar ‘Maçã’ (Figura 8A), ‘Prata-anã’ (Figura 8B) e ‘BRS Platina’ (Figura 8C), não foram observadas estruturas do Foc e nem deposição de calose.

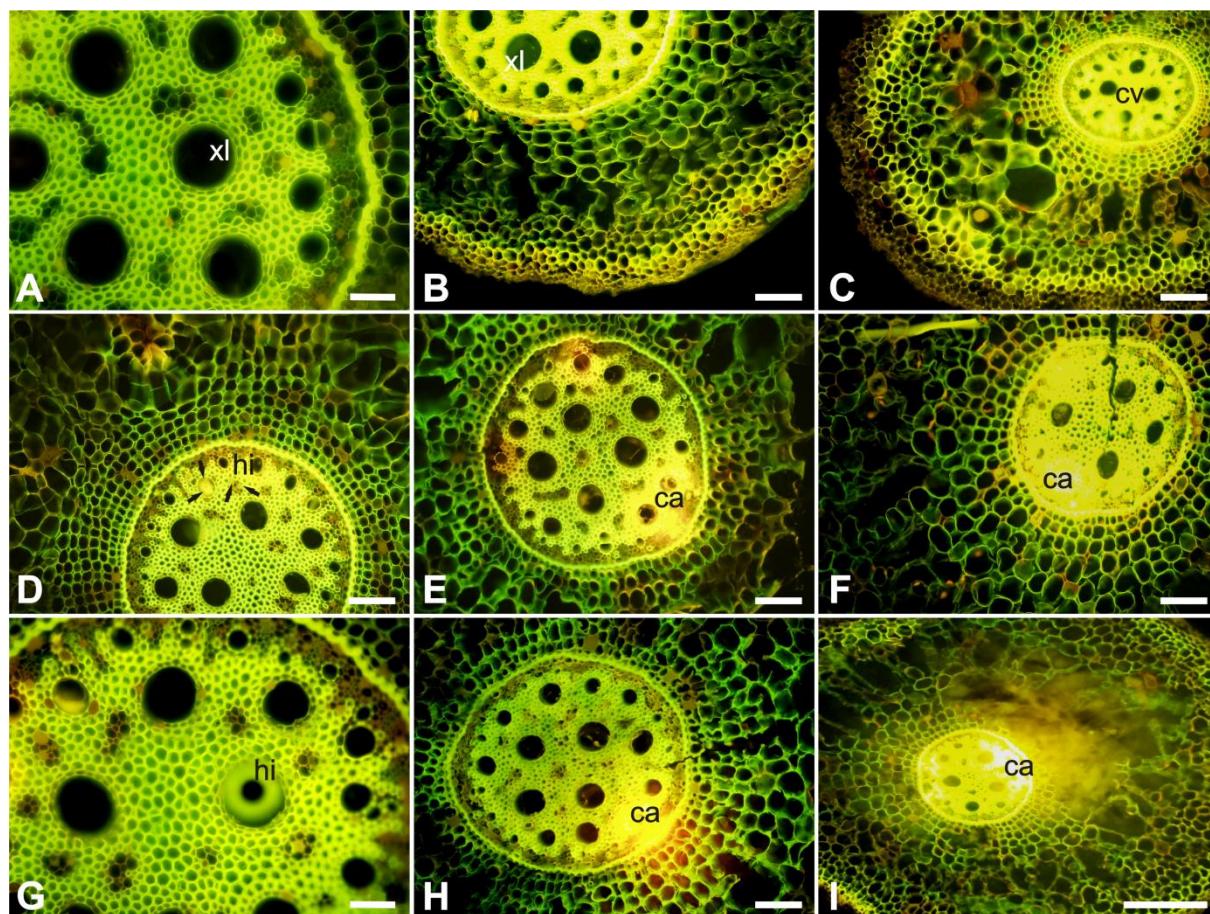


Figura 8 – Corte transversal de raiz de bananeira por microscopia de fluorescência em ‘luz azul’. Tratamentos controles com oito dias para a cultivar ‘Maçã’ (A), ‘Prata-anã’ (B) e ‘BRS Platina’ (C). ‘Maçã’ (D e G) oito dias após inoculação (DAI) com *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* raça 1(Foc), visualizando a colonização do fungo dentro do tecido xilemático. Produção de calose no xilema nas cultivares ‘Prata-anã’ (E e H) e ‘BRS Platina’. xl: xilema; cv: cilindro vascular; hi: hifa; ca: calose. Barras: A – G= 100 µm; B – C – D – E – F = 200 µm; I= 500 µm

Estudos sugerem que quando o patógeno começa a penetrar na parede celular, com hifas ou haustórios infecciosos, a planta hospedeira resistente responde ao ataque com a síntese de novos carboidratos, principalmente calose e celulose, os quais são adicionados no interior da parede celular adjacente à infecção (HINCH; CLARKE, 1982; MATIELLO; BARBIERI; CARVALHO, 1997). A calose é depositada na membrana plasmática e na parede celular e a deposição ocorre dentro de minutos após o dano mecânico, químico, fisiológico ou biótico (CHEN;KIM, 2009).

Calose é um polissacarídeo composto por β -1,3-glicose com ramificações de β -1,6-glicose (CHEN;KIM, 2009). Acredita-se que a calose é produzida pela calose sintase e utiliza a UDP-glucose como substrato, a enzima β -1,3-glucanase degrada este homopolímero. A calose possui importantes funções no desenvolvimento vegetal e na resposta a vários estresses

bióticos e abióticos (CHEN;KIM, 2009). Segundo Beckman; Verdier e Mueller (1989), a deposição de calose na parede do xilema primário e secundário limitou a infecção por *F. oxysporum* f. sp. *lycopersici* em tomate de forma lateral e vertical e a resposta parece ser maior e mais eficaz na cultivar resistente do que na suscetível. No presente trabalho, só foi identificado a deposição de calose na cultivar resistente e na moderadamente suscetível.

Todos os tipos de murchas vasculares, independente do patógeno, têm características em comum. As folhas ou suas partes perdem a turgidez, tornam-se flácidas, ocorre amarelecimento progressivo e inclinação das folhas, que se tornam secas e amarronzadas até a morte da planta (AGRIOS, 2005). De forma geral, os mecanismos de infecção, colonização e reprodução de *F. oxysporum* são similares, independente da f. sp. (hospedeiro) e da raça fisiológica. Os esporos germinam em resposta aos exsudatos da raiz, a hifa penetra diretamente nas células epidérmicas e cresce invadindo o tecido radicular do hospedeiro, colonizando e produzindo estruturas de reprodução no tecido vascular (INOUE; NAMIKI; TSUGE, 2002).

A adesão e infecção de raízes de bananeira pelo Foc observado no presente trabalho difere do *F. oxysporum* f. sp. *radicis-lycopersici* na velocidade e virulência da penetração pelas pontas ou bases laterais das raízes de tomateiro (LAGOPODI et al., 2002), pois 60 a 70% de plantas de tomate inoculadas morrem dentro de seis dias, enquanto que em bananeira, as plantas tendem a morrer após um mês (LAGOPODI et al., 2002). Um estudo com Foc raça 4 em bananeira demonstrou que o fungo penetra por pequenas aberturas na parede celular do hospedeiro (LI et al., 2011).

Os resultados do presente trabalho sugerem que, o Foc raça 1 penetrou pela raízes laterais e principal na cultivar ‘Maçã’, colonizando o espaço inter e intracelular do córtex com hifas ‘globosas’, e rapidamente invadiu o tecido vascular (xilema) preenchendo os vasos com o micélio, seguido da produção de estruturas de resistência, como os clámidósporos isolados, em *clusters* e cadeias. Com o passar do tempo, os sintomas internos e externos foram progressivamente aparecendo e com 45 DAI a maioria das plantas estava morta. Em bananeiras das cultivares suscetíveis ao Foc raça 4, ‘Guangfen’ (*Pisang Awak*) e ‘Brazilian’ (subgrupo Cavendish), o processo de infecção do tecido radicular é similar ao descrito para a raça 1, mas foi visualizado a produção de microconídios no córtex (LI et al., 2011). O Foc raça 4 penetra pela zona de elongação das raízes laterais e por meio de ferimentos (LI et al., 2011).

Na cultivar moderadamente suscetível ‘Prata-anã’, o Foc colonizou os tecidos do córtex e os vasos do xilema e também produziu clámidósporos isolados no xilema com oito

DAI, mas com uma quantidade menor do que na ‘Maçã’. As análises histoquímicas sugeriram que a planta parece responder ao ataque do fungo com a produção de calose. O Foc raça 1 também colonizou o córtex do tecido radicular da cultivar resistente ‘BRS Platina’, mas em momento mais tardio da interação (15 DAI), e com crescimento aparentemente limitado, com hifas com paredes celulares enrijecidas. Contudo, a planta parece responder ao ataque do fungo de forma mais rápida, aumentando a intensidade de divisão celular no córtex no período inicial da interação. Além disso, houve a indução de respostas de defesa, como formação de cristais de oxalato de cálcio, formação de tilose e elevada deposição de calose nos vasos xilemáticos, impedindo que fungo colonize o tecido vascular. O Foc raça 4 também colonizou o tecido radicular de cultivares resistentes de plátanos e bananeiras, com visualização de poucas hifas com 15 e 30 DAI (LI et al., 2011).

Dentro de 24 HAI o micélio de *F. oxysporum* f. sp. *melonis* cresceu, invadiu as células epidérmicas do tecido radicular de plantas de melão suscetível e formou pequenas estruturas de infecção como apressórios (INOUE; NAMIKI; TSUGE, 2002). Na interação tomateiro-*Fusarium* também foram observados pequenas estruturas rudimentares de penetração, os apressórios (CZYMMEK et al., 2007).

Eynck et al. (2007), em um estudo com a interação entre *Verticillium longisporum* e *V. dahliae* com *Brassica napus*, observaram a primeira penetração do *V. longisporum* após 60 HAI, no qual, por penetração direta nas células da epiderme, o fungo entrou na raiz sem formar estruturas de infecção, como apressório. Durante a penetração do *V. longisporum*, a hifa cresce entre e dentro das células do córtex, na direção do cilindro vascular. Nas três culturares inoculadas no presente trabalho, não foram observadas estruturas de reprodução, como micro e macroconídios ou de infecção, como apressório no período analisado (24 HAI, cinco, oito e 15 DAI).

4.3 Análise do perfil transcriptômico via RNAseq

A análise de expressão global permite a comparação de mRNAs específicos presentes em amostras contrastantes, infectadas ou não por patógenos, identificando genes diferencialmente expressos e, consequentemente, permitindo ter suas funções metabólicas inferidas. Dentre as técnicas de análise da expressão gênica massal, optou-se pelo RNAseq

pois, permite analisar transcriptomas complexos, independente de conhecimento prévio do genoma, além de possibilitar o mapeamento e quantificação de transcritos, principalmente quando existe um genoma de referência para se proceder às comparações (TANG et al., 2009; FILICHKIN et al., 2010).

Este trabalho analisou a expressão diferencial em ‘BRS Platina’, ‘Prata-anã’ e ‘Maçã’, sob infecção por Foc nos estágios iniciais de interação. Para análise de sequenciamento de RNA na plataforma Illumina foram utilizadas seis amostras compostas (*pool*) coletadas a 12, 24, 36 e 48 horas após inoculação, uma de cada genótipo inoculado e controle não inoculado.

O sequenciamento *paired-end* das seis bibliotecas gerou um total de 113.632.486 sequências (*reads*) (Tabela 3), que foram filtradas em relação a qualidade e, que resultaram em 108.296.492 *reads* empregados nas análises subsequentes. A figura 9 demonstra o esquema do procedimento utilizado para as análises do transcriptoma. Para a biblioteca ‘Maçã inoculada’ foram obtidos 18.321.840 *reads* e para ‘Maçã controle’ 18.529.060 *reads*; para a biblioteca ‘Prata-anã inoculada’ foram obtidos 19.363.146 *reads* e para ‘Prata-anã controle’ 18.336.416 *reads*; e para a biblioteca ‘BRS Platina inoculada’ foram obtidos 15.997.978 e para ‘BRS Platina controle’ 17.748.052 *reads*.

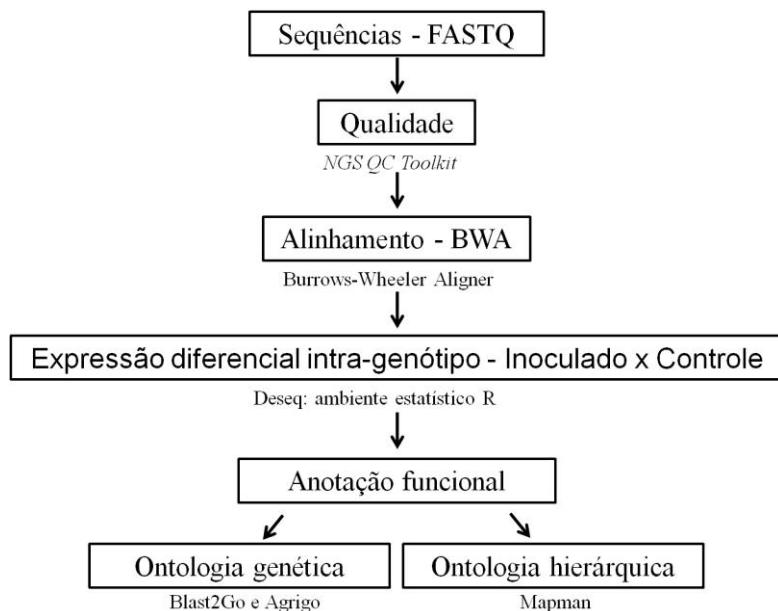


Figura 9 – Representação esquemática do procedimento para análise do transcriptoma de bananeira na interação com *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*

Estes *reads* foram então alinhados com os *gene models* e os transcritos de referência da bananeira DH-Pahang (duplo haplóide de *Musa acuminata* – 2n=22) (D'HONT et al. 2012) com o uso do programa BWA (LI; DURBIN, 2009). Foram utilizados 36.542 transcritos de referência, dos quais, 34.664 (94,9%) tiveram pelo menos um *read* das seis

bibliotecas que alinharam com a referência. A descrição e estatísticas sobre percentual de *reads* alinhados, dos quais estão os *reads* anotados, não anotados e não mapeados do sequenciamento estão apresentado na tabela 3 e a figura 10. A biblioteca de ‘BRS Platina’ controle apresentou o maior número de fragmentos alinhados e anotados, enquanto a biblioteca de ‘Prata-anã’ inoculada foi o menor (Tabela 3). O menor número de *reads* alinhados e anotados pode ser decorrente da qualidade do genoma/transcritos referência, e há também a possibilidade de identificar novas isoformas no transcriptoma sequenciado no presente trabalho. Além disso, o genoma sequenciado é AA (*Musa acuminata*) enquanto que, o genoma de ‘Prata-anã’ e ‘Maçã’ são AAB e possuem duas cópias do genoma A e uma do genoma B (*Musa balbisiana*) e ‘BRS Platina’ é um tetraplóide AAAB, com três cópias do genoma A e uma do genoma B.

Tabela 3 – Descrição do número total de fragmentos sequenciados, filtrados e alinhamento com o software BWA para cada biblioteca

Biblioteca	Reads				Não alinhados	
	Total	Filtrados	Alinhados			
			Anotados	Não anotados		
Maçã controle	19.371.278	18.529.060	10.271.562	4.347.344	3.910.154	
Maçã inoculada	19.620.090	18.321.840	10.104.598	3.607.768	4.609.474	
Prata-anã controle	19.176.504	18.336.416	8.695.964	5.773.140	3.867.312	
Prata-anã inoculada	20.323.136	19.363.146	6.998.380	7.747.498	4.617.268	
BRS Platina controle	18.473.680	17.748.052	10.471.590	3.934.252	3.342.210	
BRS Platina inoculada	16.667.798	15.997.978	9.013.386	4.040.710	2.943.882	
Total	113.632.486	108.296.492	55.555.480	29.450.712	23.290.300	

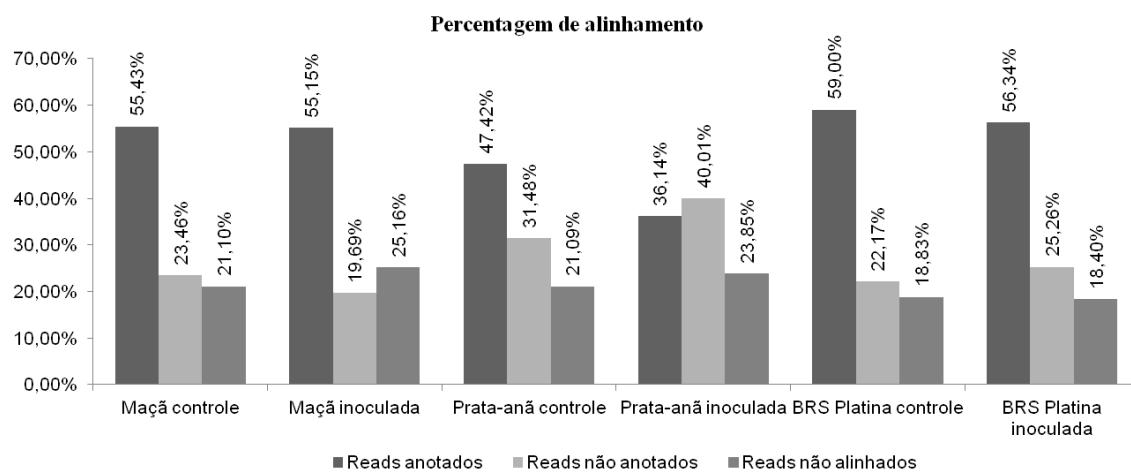


Figura 10 – Representação da percentagem de *reads* alinhados e não alinhados com o genoma/transcritos da referência, e entre os alinhados os *reads* anotados e não anotadas para cada biblioteca sequenciada

O agrupamento hierárquico foi baseado em uma matriz de distância e na similaridade da diferença de expressão entre os transcritos de cada uma das amostras, que permitiu uma

visão geral da variação qualitativa das sequências entre as seis bibliotecas (Figura 11). Os dados representam as comparações por similaridade para um tratamento, e as cores estão associadas com a similaridade; quanto mais intensa (vermelho) mais similar é o padrão de sequências.

Desta forma, o transcriptoma da cultivar ‘Prata-anã’ controle demonstrou ser o mais distinto dos outros tratamentos, uma vez que, o número de genes diferencialmente expresso da ‘Prata-anã’ inoculada x ‘Prata-anã’ controle foi o mais expressivo entre as cultivares. Enquanto que, para a cultivar ‘Maçã’ sob infecção e sem a presença do fungo foram as mais similares, sugerindo uma menor distinção transcripcional induzida pela presença do patógeno. Curiosamente, o transcriptoma da cultivar ‘BRS Platina’ controle se assemelha mais com a de ‘Prata-anã’ sob infecção. Esse fato poderia estar associado ao padrão de expressão constitutivo de defesa ao Foc na cultivar ‘BRS Platina’.

Dentre os *reads* obtidos com alta qualidade (108.296.492) alinhados aos *gene models* da referência de *M. acuminata*, foram utilizados 55.555.480 *reads* anotados para as análises de expressão diferencial, das quais foram obtidos os valores de *read counts*, que representam o número de *reads* que foram mapeados em um gene. Posteriormente, foram realizadas as análises de expressão gênica diferencial (DE) no ambiente estatístico R utilizando o pacote DEseq.

Foram comparados os valores de expressão intra-genótipos (inoculado x controle) no qual, foram considerados genes diferencialmente expressos aqueles com variação de expressão superior a dois (*fold-change*) entre amostras, com significância estatística (*p-value*) menor que 0,05 %. Genes com expressão nula em um dos tratamentos também foram considerados como diferencialmente expressos. Os valores de expressão e *log2 fold-change* para cada tratamento estão apresentados nos anexos A-G.

As diversas análises de expressão diferencial inoculado x controle permitiram detectar um total de 2.307 genes para as três cultivares. A distribuição desses genes diferencialmente expressos (DE) estão comparados e ilustrados pelo diagrama de Venn (Figura 12). Dos 2.307 genes, quatro são comuns para as três cultivares (Anexo A); dez são compartilhados entre ‘Maçã’ e ‘Prata-anã’(Anexo B); 21 genes são compartilhados entre ‘BRS Platina’ e ‘Maçã’ (Anexo C); 114 genes são compartilhados entre ‘BRS Platina’ e ‘Prata-anã’ (Anexo D); além de 75 serem exclusivos da cultivar ‘Maçã’ (Anexo E); 1484 de ‘Prata-anã’ (Anexo F); e 599 de ‘BRS Platina’ (Anexo G).

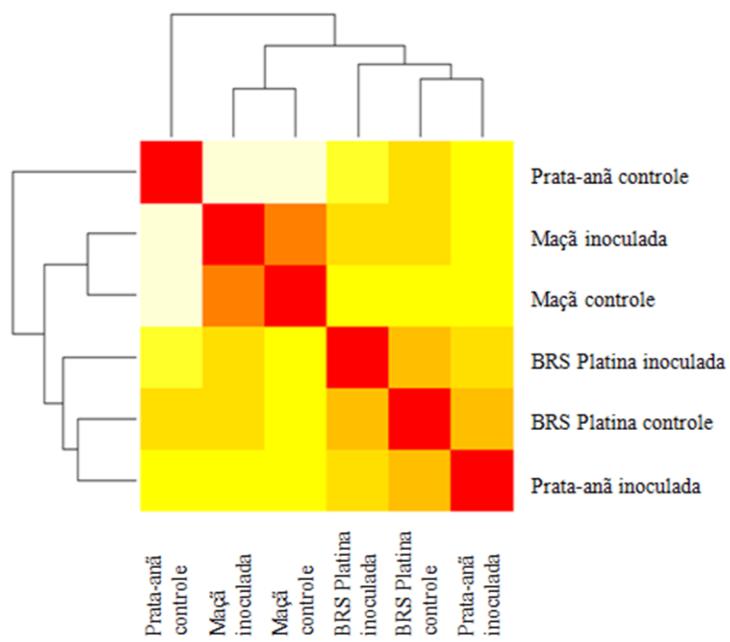


Figura 11 – Agrupamento hierárquico do padrão de similaridade entre as sequências das cultivares de bananeira ‘BRS Platina’, ‘Maçã’ e ‘Prata-anã’ sob infecção com *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* e sem a inoculação com o patógeno (controle)

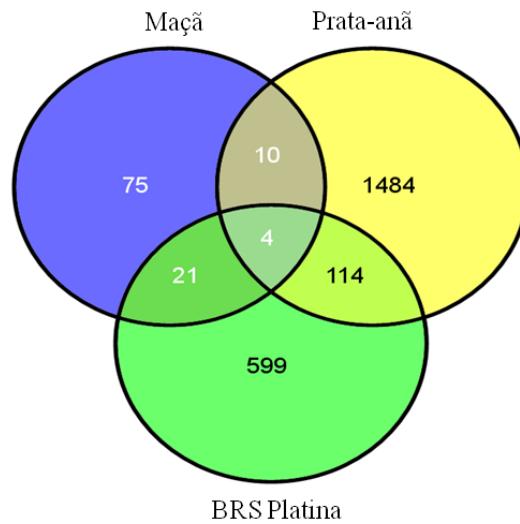


Figura 12 – Diagrama de Venn com os transcritos da interação bananeira- *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* que foram diferencialmente expressos ($p-value < 0,05$) para cada uma das cultivares (‘Maçã’, ‘Prata-anã’ e ‘BRS Platina’). Números absolutos representam transcritos diferencialmente expressos que são exclusivos ou comuns entre pares ou entre todos os tratamentos

A maioria dos genes DE exclusivos por cultivar estão induzidos (*up regulated*), no qual, há 20 genes para ‘Maçã’; 750 genes para ‘Prata-anã’; e 247 genes para ‘BRS Platina’;

enquanto que 10 genes de ‘Maçã’, 261 genes de ‘Prata-anã’ e 490 genes de ‘BRS Platina’ estão reprimidos (*down regulated*). Dentro os genes com expressão nula em um dos tratamentos, há 248 genes com expressão apenas nas cultivares sob infecção, e 132 genes com expressão apenas nos controle não inoculados. Nesse sentido, foram identificados 21 genes para ‘Maçã’; 176 genes para ‘Prata-anã’; e 51 genes para ‘BRS Platina’ sob inoculação com o fungo. Por outro lado, foram identificados 24 genes para ‘Maçã’; 68 genes para ‘Prata-anã’; e 40 genes para ‘BRS Platina’ sem a infecção com o fungo.

Os genes comuns entre as cultivares representados no diagrama de Venn (Figura 12 e Anexo A) estão relacionados à resposta a estresses, como estresse biótico (proteínas PRs) e processos metabólicos primários, sendo que, todos estão induzidos para a ‘Prata-anã’ e induzidos/reprimidos para ‘Maçã’ e ‘BRS Platina’ (Anexo A). Entre os genes compartilhados DE (Anexos B, C e D) é importante mencionar que a maioria dos genes estão envolvidos na resposta imune, síntese de parede celular e estresse biótico entre os genótipos resistente e suscetível ao Foc, sendo que, a maioria dos genes compartilhados estão induzidos na ‘BRS Platina’.

A cultivar ‘Maçã’ suscetível, apresentou o menor número de genes DE exclusivos (Anexo E), sendo que, a maior indução de expressão gênica foi de uma proteína ligada a carboidrato (*Mannose/glucose-specific lectin*) que parece estar envolvida na regulação celular e sinalização. Uma lectina ligada a manose e glicose foi capaz de inibir a germinação de esporos e a colonização dos fungos *Aspergillus niger*, *Aspergillus flavus*, *F. solani* e *F. graminearum* em sementes de pimenta (*Capsicum annuum*) (KUKU et al., 2009). Apesar desse gene inibir a germinação de *Fusarium* em outros sistemas, neste caso, a indução da expressão desse gene não afetou no mecanismo de germinação e colonização do Foc.

Biossíntese de lisina no cloroplasto pela *Ll-diaminopimelate aminotransferase* e várias outras proteínas relacionadas à sinalização hormonal (*Auxin-induced protein*), regulação da transcrição (*wrky and zinc finger domains*) e resposta a estresses bióticos e abióticos (peroxidase) também foram os genes de maior expressão para o genótipo ‘Maçã’. Isso sugere que toda maquinaria da transcrição esteja envolvida na resposta à infecção pelo Foc. Entre os genes mais reprimidos, estão aqueles relacionados ao crescimento e metabolismo celular (*Expasin* e *Calvin cycle protein*).

O genótipo intermediário (‘Prata-anã’) apresentou o maior número de genes DE exclusivos induzidos e reprimidos (Anexo F). Entre os mais expressos, destaca-se o gene que participa da biogênese de membrana e regulação das cadeias de ácidos graxos (*Lipid binding protein*). Estudos sugerem que estas proteínas atuam na formação de cutina, resposta de

defesa a fitopatógenos, simbiose e adaptação das plantas a diferentes condições ambientais (KADER, 1996). A identificação destas proteínas no floema de *Arabidopsis* parece estar associada à sinalização a longas distâncias, no crescimento e desenvolvimento vegetal (GUELETTE; BENNING; HOFFMANN-BENNING, 2012). Outros genes também foram induzidos em ‘Prata-anã’, incluindo genes relacionados à sinalização hormonal (*Auxin-induced protein*) e biossíntese de parede celular (*Xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein*). No caso do estresse físico pela infecção pelo fungo, como pode estar ocorrendo devido ao contato com o Foc, a expressão desse gene (*Xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein*) permite mudanças na morfogênese alterando a rigidez da parede celular (XU et al., 1995). Fatores de transcrição (relacionados ou não com a resposta a patógenos), metabolismo basal e genes de defesa a estresses bióticos e abióticos, como quitinases e peroxidases, também estavam entre os genes diferencialmente expressos induzidos em ‘Prata-anã’ inoculada em relação ao controle. Os genes mais reprimidos são fatores de transcrição (*bhlh135*), proteínas de membrana capazes de reconhecerem fitopatógenos (*Receptor-like protein kinase*), proteínas reguladoras que se ligam ao DNA, de metabolismo, como o ciclo Krebs e proteínas de sinalização hormonal.

Já o genótipo resistente apresentou nível intermediário de genes DE exclusivos entre as outras duas cultivares (Anexo G), sendo que os genes *up regulated* estão relacionados ao metabolismo, como componente do complexo Acetil coenzima A carboxilase (ACC) e proteínas ribossomais, além de genes envolvidos na defesa da planta como, resposta a resistência a doença, proteína com domínio WIN (*Wound-induced protein WIN1*), cafeína metiltransferase, sinalização hormonal, proteínas de reconhecimento de patógeno (*Receptor-like protein kinase*), peroxidases, quitinases, proteínas PRs, *heat shock*, síntese de parede celular, fatores de transcrição associado a doença, dentre outros genes.

Vários genes associadas a defesa da planta a patógenos estão *down regulated* na cultivar ‘BRS Platina’, tais como fatores de transcrição (bHLH36, MYB e WRKY), proteína rica em prolina, sinalização hormonal (Jasmonato – lipoxygenase, etileno, giberelina, citocinina e ácido abscísico) biossíntese de parede celular (*Xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein* e *xyloglucan glycosyltransferase*), glucanases, peroxidase, dentre outros genes. Este resultado sugere que o genótipo resistente sem o contato com o patógeno tenha indução da expressão de genes de defesa e resistência a fitopatógenos, ou seja, parece que ‘BRS Platina’ possui resposta de defesa constitutiva ao Foc.

O software Blast2Go (CONESA et al., 2005) foi utilizado para anotação por ontologia gênica de todos os genes diferencialmente expressos por cultivar baseado em processos

biológicos (nível três). As categorias mais representadas entre os 110 genes DE para a cultivar ‘Maçã’ estão relacionadas a processos celulares metabólicos, desenvolvimento vegetal, resposta a estresse e a estímulos abióticos (Figura 13).

A cultivar ‘Prata-anã’ teve o maior número de genes DE, 1.612 genes, dos quais, foram mais representados nas categorias de processos metabólicos celulares, processos biológicos regulatórios, respostas a estímulo químico e estresse, compostos metabólicos nitrogenados, desenvolvimento estrutural, resposta a estímulo abiótico e biótico, estímulo por outros organismos, estímulos externos, biogênese e organização da parede celular, entre outros (Figura 14).

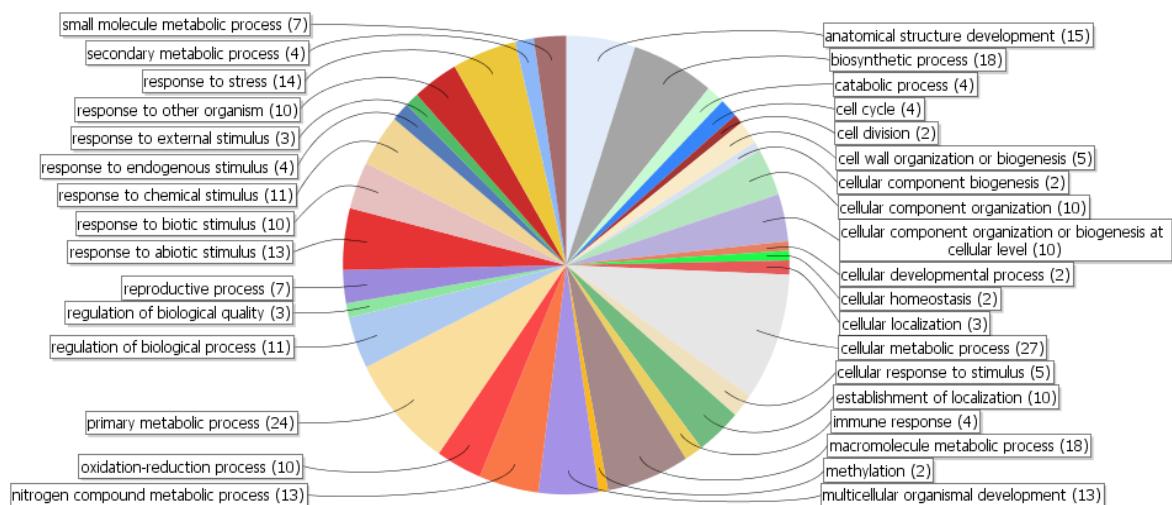


Figura 13 – Categorias da anotação funcional para os processos biológicos de acordo com os GOs (*gene ontology*) para todos os genes diferencialmente expressos para a cultivar ‘Maçã’

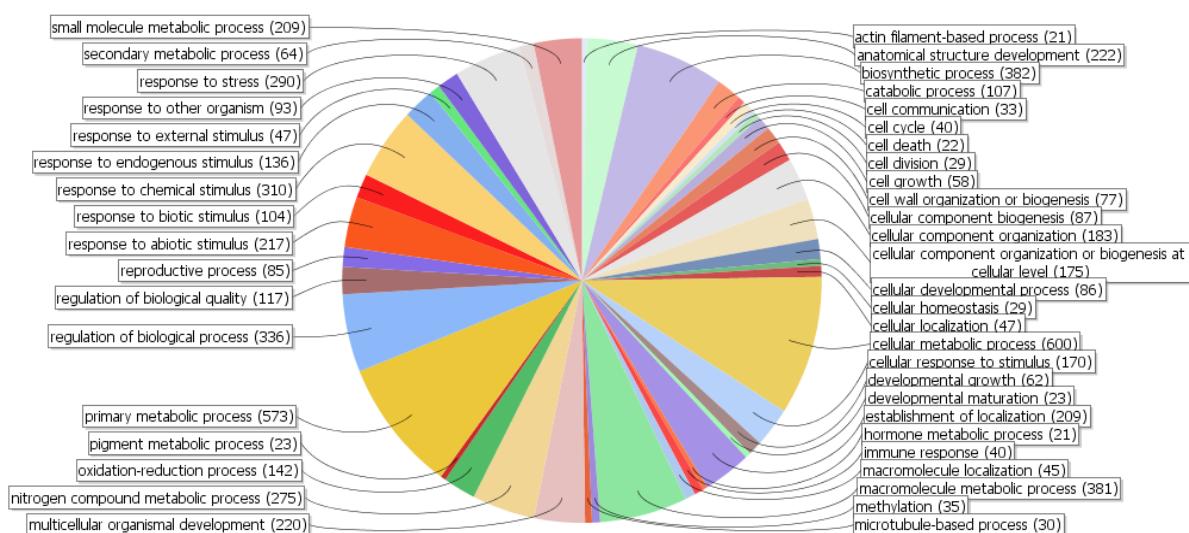


Figura 14 – Categorias da anotação funcional para os processos biológicos de acordo com os GOs (*gene ontology*) para todos os genes diferencialmente expressos para a cultivar ‘Prata-anã’

A cultivar ‘BRS Platina’ apresentou um total de 738 genes DE, dos quais foram anotados e representados em vários processos, como, metabolismo celular, biossintéticos, resposta estímulo químico, resposta a estresse, processos regulatórios, compostos metabólicos nitrogenados, resposta a estímulo abiótico e biótico, desenvolvimento estrutural, resposta imune e biogênese e organização da parede celular (Figura 15). Vale ressaltar que, apenas esta cultivar, apresentou doze GOs (*gene ontology*) relacionados a efetores de resposta imune.

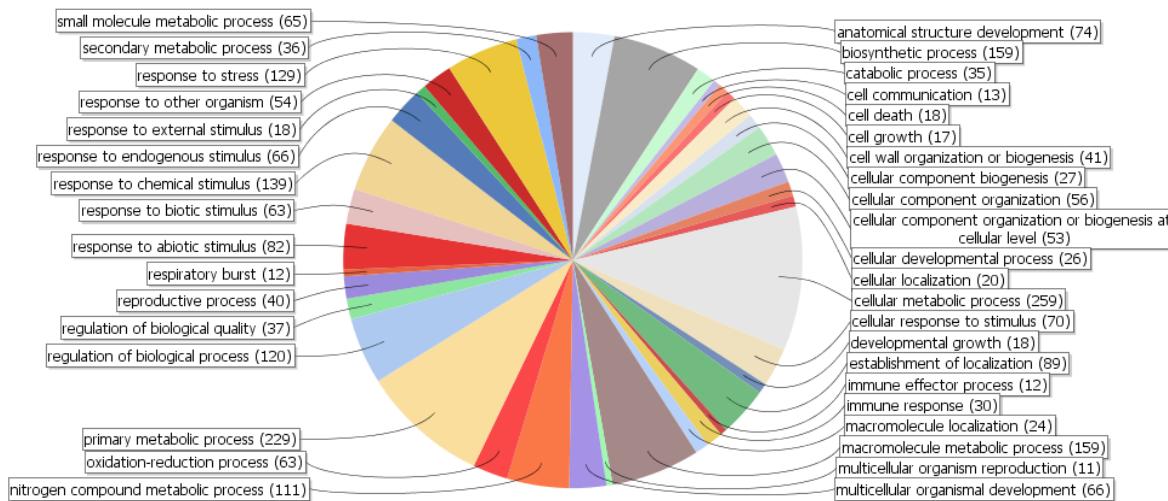


Figura 15 – Categorias da anotação funcional para os processos biológicos de acordo com os GOs (*gene ontology*) para todos os genes diferencialmente expressos para a cultivar ‘BRS Platina’

De forma geral, as três cultivares possuem genes DE que foram categorizados pela anotação em processos relacionados à defesa da planta contra patógeno, como resposta imune, resposta a estímulo biótico e a estresse. O que varia entre as três é a quantidade de GOs, mas, somente na cultivar resistente ‘BRS Platina’ foram encontrados genes associados à efetores da resposta imune, os quais devem estar atuando na resposta precoce desta cultivar contra a colonização do fungo.

Para saber a significância das categorias dos genes diferencialmente expressos exclusivos de cada cultivar para os processos biológicos, foi realizado a análise de enriquecimento de termos no *software* Agrigo, em que a intensidade da cor relaciona a maior significância dos termos (GOs) (ZHOU et al., 2010). Dessa forma, todos os genes DE exclusivos de ‘Maçã’ estão relacionados à estímulos, sendo que, a resposta a estímulo biótico é mais significativo (Figura 16).

Na cultivar ‘Prata-anã’, as categorias mais representadas pela mesma análise estão relacionadas com a resposta a estímulo abiótico e endógeno, além de termos referentes ao metabolismo basal da planta (Figura 17). Resultado similar foi encontrado para a ‘BRS-

Platina', sendo que a resposta a estímulo é mais representada entre as categorias, com destaque para estímulos endógenos e abióticos. Além de ter menos genes exclusivos DE que 'Prata-anã', os GOs referentes aos genes DE de 'BRS Platina' estão relacionados em várias rotas metabólicas, genes estruturais e resposta a estresse biótico (Figura 18).

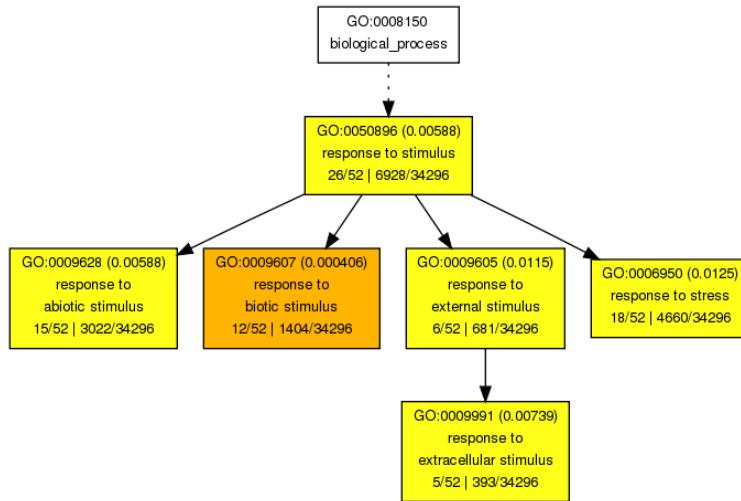


Figura16 – Análise de enriquecimento de termos para os genes exclusivos diferencialmente expressos para a cultivar ‘Maçã’. Quanto maior a intensidade da cor dos quadros, mais significativo são os GOs identificados

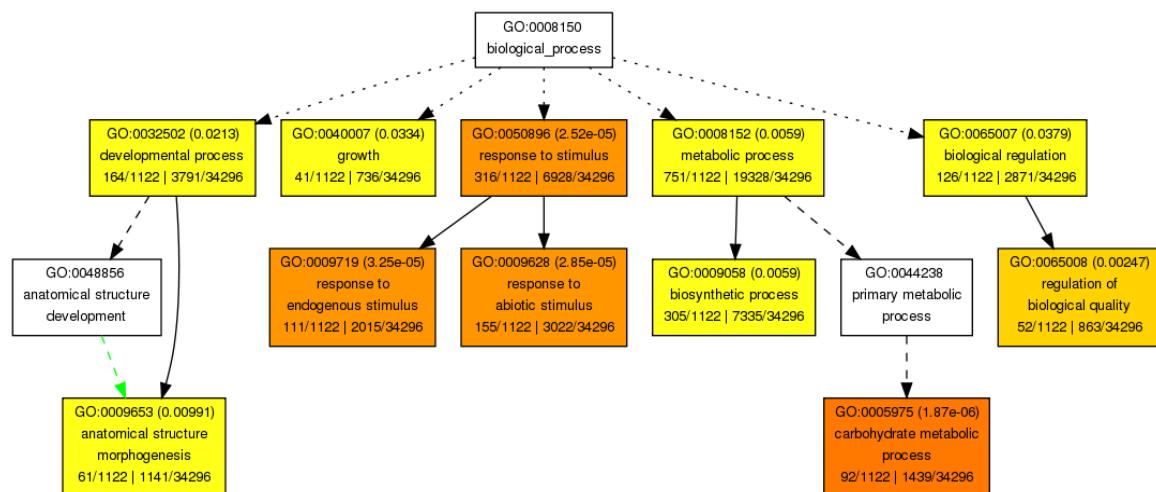


Figura 17 – Análise de enriquecimento de termos para os genes exclusivos diferencialmente expressos para a cultivar ‘Prata-anã’. Quanto maior a intensidade da cor dos quadros, mais significativo são os GOs identificados

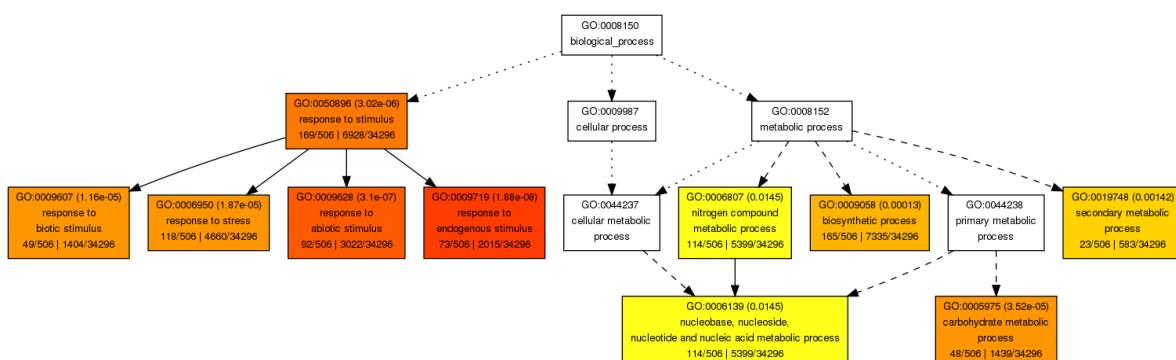


Figura 18 – Análise de enriquecimento de termos para os genes exclusivos diferencialmente expressos para a cultivar ‘BRS Platina’. Quanto maior a intensidade da cor dos quadros, mais significativo são os GOs identificados

Os genes exclusivos diferencialmente expressos de cada cultivar foram utilizados para análise funcional no *software* MapMan (USADEL et al., 2009), onde é possível visualizar o padrão de expressão do gene com base no $\log_2 fold change$ (inoculado x controle), sendo que, os genes *up regulated* estão representados de azul e os *down regulated* de vermelho. A intensidade da coloração está relacionada com o nível de expressão.

De forma geral, o número e o nível de expressão dos genes envolvidos na interação planta-patógeno para cultivar ‘Maçã’ foram poucos quando comparado a ‘Prata-anã’ e ‘BRS Platina’ (Figuras 19, 20 e 21 respectivamente). É possível observar que há nítida diferença entre o genótipo suscetível e resistente ao Foc para o padrão de expressão dos genes relacionados à interação planta-patógeno.

Nesse sentido, a regulação positiva da expressão dos genes de sinalização hormonal por auxina, síntese/modificação da parede celular, sinalização, fatores de transcrição (ERF, WRKY, MYB e DOF) e proteínas que codificam para genes de defesa a estresses, como: *heat shock*, metabólitos secundários, peroxidase e glutationa-S-transferase permitem que o genótipo resistente e moderadamente suscetível tenha mecanismo para inibir a colonização do patógeno. Apesar da cultivar ‘Prata-anã’ (Figura 20) possuir mais genes diferencialmente expressos, a cultivar resistente ‘BRS Platina’ (Figura 21) possui maior padrão de aumento na expressão (genes *up regulated*) de famílias gênicas importantes na resposta de defesa.

Os genes de defesa *up regulated* (Proteínas PRs), representados na Figura 21 em ‘BRS Platina’ correspondem a genes citoplasmáticos de resistência, com domínios NB-LRR e de membrana, *receptor like kinase*. Em ‘Prata-anã’ também foi identificado um *receptor like kinase*, localizado na membrana que está *up regulated*. Genes de resistência ao *F. oxysporum* foram identificados em tomate (*I-2*) (SIMONS et al., 1998) e melão (*Fom-2*) (JOOBEUR et al., 2004) com domínio non-TIR-NBS-LRR; e um *receptor like kinase* em *Arabidopsis thaliana* (*RFO1*) (BERROCAL-LOBO; MOLINA, 2008).

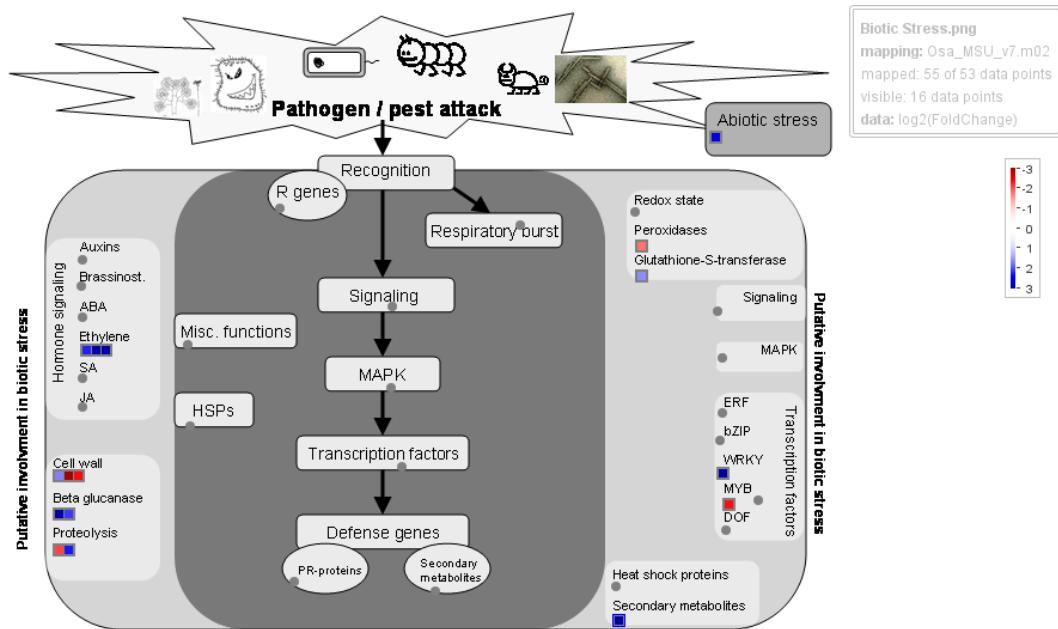


Figura 19 – Visão geral do perfil de expressão diferencial dos genes exclusivos da cultivar ‘Maçã’ associados à interação planta-patógeno gerada pelo software *MapMan* a partir do log2 (*FoldChange*) da amostra inoculada em relação ao controle (não inoculada). Em azul, genes *up regulated*; em vermelho, genes *down regulated*

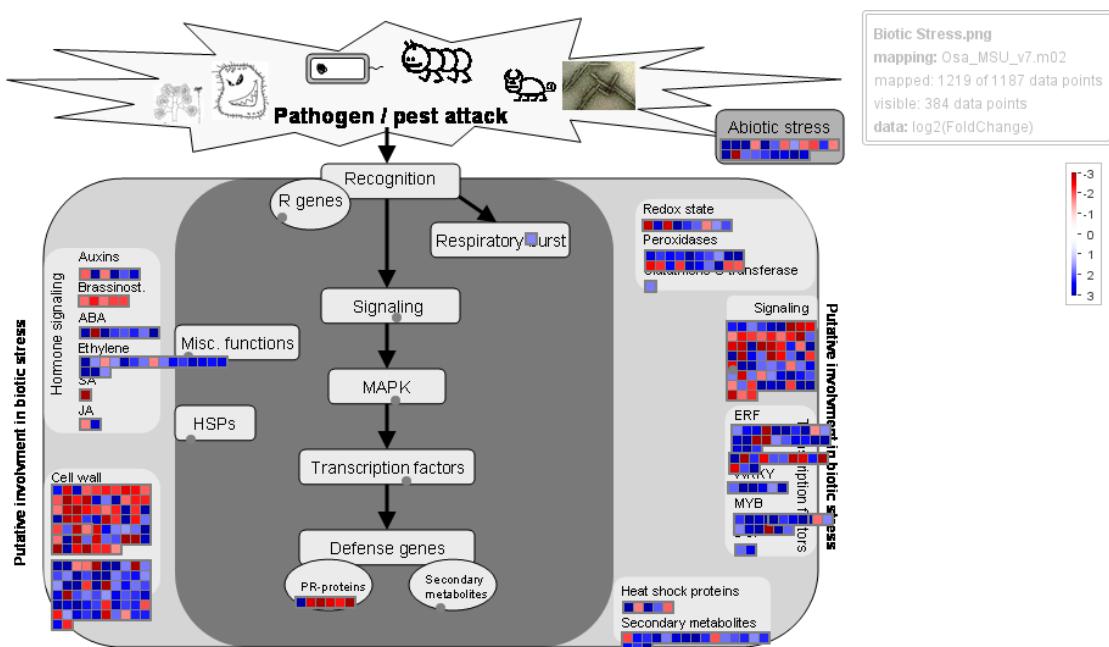


Figura 20 – Visão geral do perfil de expressão diferencial dos genes exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’ associados à interação planta-patógeno gerada pelo software *MapMan* a partir do log2 (*FoldChange*) da amostra inoculada em relação ao controle (não inoculada). Em azul, genes *up regulated*; em vermelho, genes *down regulated*

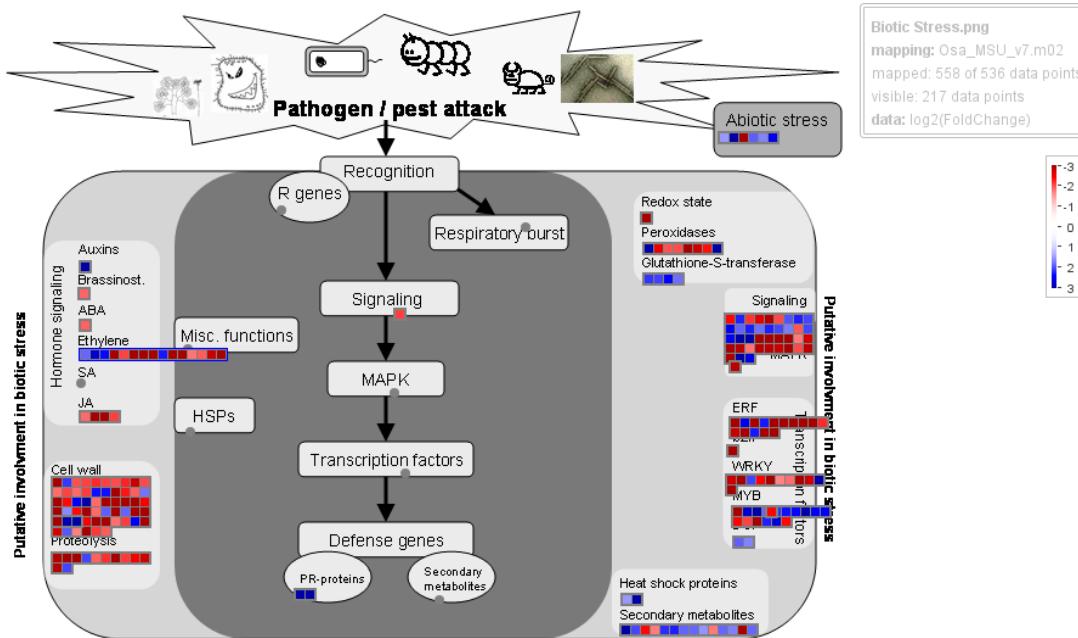


Figura 21 – Visão geral do perfil de expressão diferencial dos genes exclusivos da cultivar ‘BRS Platina’ associados à interação planta-patógeno gerada pelo software *MapMan* a partir do log₂ (*FoldChange*) da amostra inoculada em relação ao controle (não inoculada). Em azul, genes *up regulated*; em vermelho, genes *down regulated*

Proteínas quinases exercem um papel importante na sinalização durante o reconhecimento e subsequente ativação/regulação dos mecanismos de defesa da planta (DING et al., 2008). Os resultados do RNAseq permitiram detectar que a cultivar ‘Maçã’ não possui nenhum *receptor like kinase* diferencialmente expresso (Figura 22). Já ‘Prata-anã’ e ‘BRS Platina’ apresentam transcritos DE para estes genes (Figura 23 e 24, respectivamente), principalmente dos receptores citoplasmáticos e dos receptores ricos em leucina localizados na membrana plasmática, uma vez que, estão diretamente relacionados ao mecanismo de resistência do hospedeiro. A cultivar resistente apresenta um padrão de expressão altamente induzido para os receptores ricos em leucina presente na membrana plasmática (Figura 24). Estes resultados permitem sugerir que ‘BRS Platina’ é capaz de reconhecer o patógeno e ativar o mecanismo de transdução de sinal mais rápido do que ‘Prata-anã’ por meio da ativação dos genes de reconhecimento. Os receptores quinase ricos em repetições de leucina estão envolvidos em várias funções biológicas incluindo percepção hormonal, crescimento, desenvolvimento e interação planta-patógeno (HAFANNI; SILVA; GORING, 2004). *Receptor like kinase* foi identificado em *A. thaliana* conferindo resistência a várias raças de *F. oxysporum* (BERROCAL-LOBO; MOLINA, 2008).

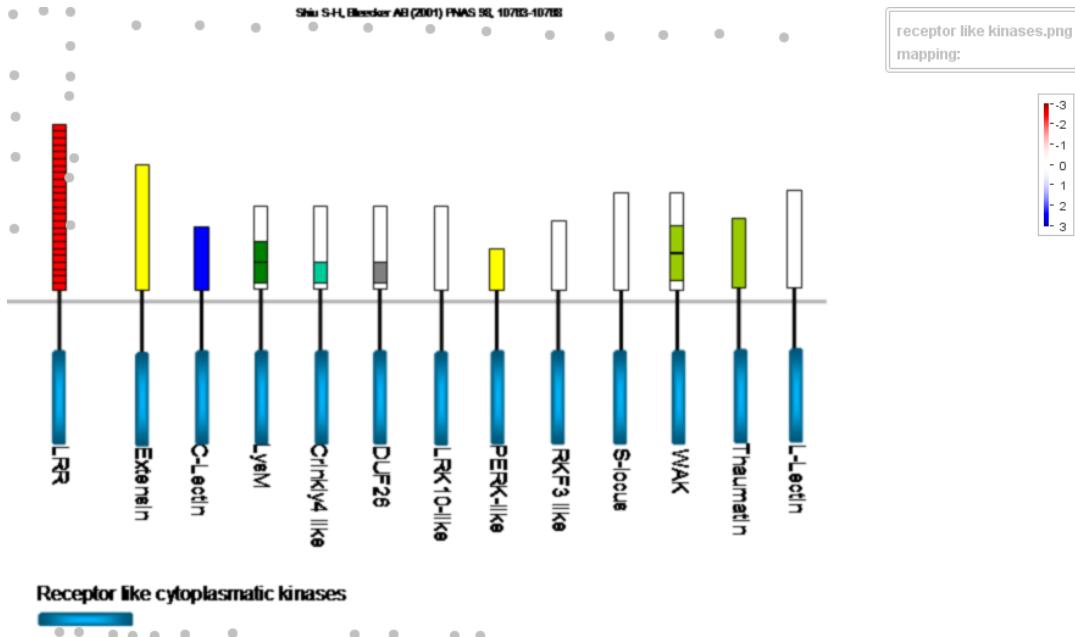


Figura 22 – Visão geral do perfil de expressão diferencial dos genes exclusivos da cultivar ‘Maçã’ associados aos receptores *like kinases* gerada pelo software *MapMan* a partir do log2 (*FoldChange*) da amostra inoculada em relação ao controle (não inoculada). Em azul, genes *up regulated*; em vermelho, genes *down regulated*

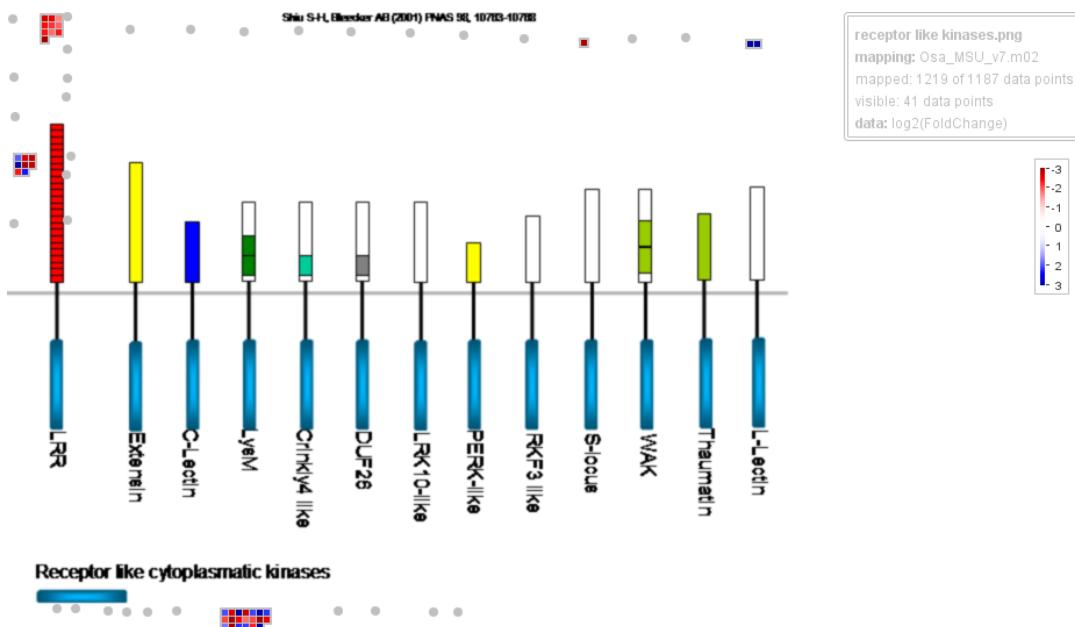


Figura 23 – Visão geral do perfil de expressão diferencial dos genes exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’ associados aos receptores *like kinases* gerada pelo software *MapMan* a partir do log2 (*FoldChange*) da amostra inoculada em relação ao controle (não inoculada). Em azul, genes *up regulated*; em vermelho, genes *down regulated*

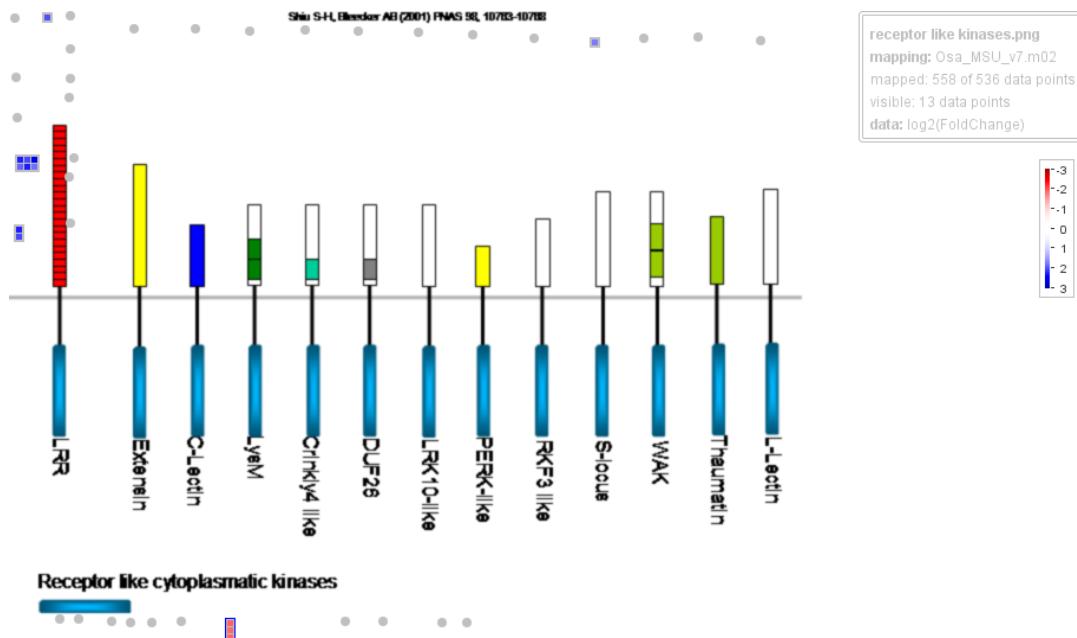


Figura 24 – Visão geral do perfil de expressão diferencial dos genes exclusivos da cultivar ‘BRS Platina’ associados aos receptores *like kinases* gerada pelo software *MapMan* a partir do log₂ (*FoldChange*) da amostra inoculada em relação ao controle (não inoculada). Em azul, genes *up regulated*; em vermelho, genes *down regulated*

4.4 Análise de expressão gênica por amplificação quantitativa dos transcritos reversos

Após as análises em larga escala dos dados obtidos do RNAseq, foram selecionados 13 genes relacionados as respostas de defesa da planta, que eram compartilhados entre cultivares ou exclusivos de alguma cultivar para avaliação da expressão gênica por RT-qPCR (Figura 25 e 26). Dessa forma, *Aspartic proteinase oryzasin-1* (*APO*) e *Pathogenesis-related protein 1C* (*PRMS* – 1; *PRMS* – 2) são comuns entre os três genótipos; *Cellulose synthase A catalytic subunit 7* (*CESA7*) é comum para ‘Maçã’ e ‘Prata-anã’; *Putative Probable glutathione S-transferase* (*GSTU6*) e *Putative Pathogenesis-related protein PRB1-3* (*PRB1-3*) são comuns para ‘Maçã’ e ‘BRS Platina’; *14 kDa proline-rich protein DC2.15* (*TPRP-F1*) é comum para ‘Prata-anã’ e ‘BRS Platina’; *Peroxidase 64* (*PER64*) e *Superfamily of TFs having WRKY and zinc finger domains* (*WRKY50*) são exclusivos para ‘Maçã’; *Aquaporin PIP2-3* (*PIP2-3*) e *Ubiquitin-conjugating enzyme E2-17 kDa* (*UBC10*) são exclusivas para ‘Prata-anã’; *Putative Disease resistance response protein 206* (*PI206*) (NB-LRR) e *Auxin transporter-like protein 1* (*ATL*) são exclusivos para ‘BRS Platina’.

Os valores de expressão obtidos pelo RT-qPCR foram normalizados pelo gene de referência *Actina 2* e, as análises foram realizadas das amostras inoculadas com o fungo em cada tempo em relação ao tempo 0 h sem inoculação. Não foi possível fazer correlação dos valores de expressão ($\log_2 fold change$) obtidos por RNAseq com os dados de RT-qPCR, pois as bibliotecas foram sequenciadas em *pool* contendo amostras coletadas a 12, 24, 36 e 48 HAI e a análise de expressão gênica por RT-qPCR foi realizada em oito tempos após inoculação (0, 12, 24, 36, 48, 72, 120 e 192 HAI).

O gene *CESA7* (Figura 25A) relaciona-se a biogênese de parede celular e foi induzido em todos os períodos de análise em ‘BRS Platina’, exceto em 120 HAI, com maior valor de expressão após 12, 48 e 192 HAI em ‘BRS Platina’. Em ‘Prata-anã’ o gene *CESA7* foi reprimido na maioria dos tempos analisados, com leve indução após 24, 120 e 192 HAI. Já em ‘Maçã’ esse gene foi reprimido em todos os tempos analisados. Esse resultado sugere que a cultivar resistente apresenta um nível de expressão basal (0 HAI) desse gene, com maior indução após 12 HAI relacionando-se com o reforço da parede celular a fim de limitar a colonização do fungo.

Genes relacionados ao estresse oxidativo como, peroxidase (*PER64*) (Figura 25B) e glutationa-S-transferase (*GSTU6*) (Figura 25C) foram induzidos nas cultivares ‘BRS Platina’ e ‘Prata-ana’ na maioria dos tempos analisados; e reprimidos na maioria dos períodos analisados em ‘Maçã’, com leve indução em 36 e 120 HAI para o gene *PER64*. O gene *GSTU6* em ‘BRS Platina’ apresenta alta indução até 72 HAI quando comparado com ‘Prata-anã’, com um pico significativo de expressão em 48 HAI.

Por outro lado, o gene *TPRP-F1* (Figura 25D) foi induzido em todos os períodos analisados em ‘Prata-anã’ e reprimidos em todos os tempos de análise em ‘BRS Platina’. Em ‘Maçã’ houve uma leve indução em 120 e 192 HAI. Esse gene codifica para uma proteína (*DC2.15*) rica no aminoácido prolina, que por sua vez, sugere uma relação aos estresses biótico e abiótico. *Aspartic proteinase oryzasin-1 (APO)* (Figura 25E) foi induzido a partir de 12 HAI em ‘BRS Platina’ e reprimido em ‘Maçã’ em todos os tempos analisados . Em ‘Prata-anã’ só houve uma leve indução desse gene em 36 HAI.

Aquaporin PIP2-3 (PIP2-3) (Figura 25F) relaciona-se ao transporte de água mediado por uma proteína canal transmembrana. Esse gene foi levemente induzido em ‘BRS Platina’ na maioria dos tempos analisados, exceto em 36 HAI. Em ‘Prata-anã’ houve leve indução em 0, 12, 36, 48, 120 e 192 HAI e, em ‘Maçã’ esse gene foi reprimido em todos os períodos analisados. Foc é um fungo que coloniza o xilema e impede a livre passagem de água na planta, o que sugere estar ocorrendo em ‘Maçã’, que é suscetível. Esse fungo causa murcha,

decorrente do acúmulo de micélio no xilema e também das respostas de defesa da planta, como produção de tilose, gomas e calose. Sendo assim, o nível de expressão nula em ‘BRS Platina’ em 120 e 192 HAI pode ser decorrente da indução de respostas de defesa. *Ubiquitin-conjugating enzyme E2-17 kDa (UBC10)* (Figura 25G) foi levemente induzido em ‘BRS Platina’ nos períodos analisados, exceto em 36 e 120 HAI. Em ‘Prata-anã’ esse gene só foi levemente induzido em 120 HAI e em ‘Maçã’ o gene *UBC10* foi reprimido em todos os períodos analisados.

Os genes relacionados a patogênese, como *PRMS – 1* (Figura 26A) e *PRMS – 2* (Figura 26B) foi induzido na maioria dos períodos analisados em ‘BRS Platina’ com um pico significativo de indução em 48 e 72 HAI. Em ‘Prata-anã’ houve uma leve indução dos genes *PRMS – 1* e *PRMS – 2* em 12, 36, 48 e 120 HAI, e em ‘Maçã’ houve uma leve indução desses genes em 48 HAI. Esses resultados sugerem que na cultivar ‘BRS Platina’ há indução desses genes desde 0 HAI até 72 HAI demonstrando que esta cultivar responde a interação com o Foc, aumentando o nível de expressão gênica.

PRB1-3 (Figura 26C) foi induzido em todos os períodos nas três cultivares, com um pico de indução em 48 e 72 HAI em ‘BRS Platina’. O gene *PI206* (NB-LRR) (Figura 26D), apresentou um pico de expressão em 48 HAI em ‘BRS Platina’, mas houve indução em todos os períodos analisados para ‘BRS Platina’ e ‘Prata-anã’. Em ‘Maçã’ houve uma leve indução a partir de 48 HAI.

A expressão do gene *WRKY50* (Figura 26E) foi praticamente nula nas três cultivares até 36 HAI. Em ‘BRS Platina’ houve indução desse gene em 48, 72 e 192 HAI. Em ‘Prata-anã’ só houve indução em 120 HAI, e em ‘Maçã’ houve indução em 48 e 72 HAI. Esse gene atua na indução de expressão de genes de defesa ao estresse biótico. O gene *ATL* (Figura 26F) foi induzido nas três cultivares em alguns períodos analisados. Em ‘BRS Platina’ o gene *ATL* foi levemente induzido em 24, 48, 72 e 192 HAI; em ‘Prata-anã’ esse gene foi levemente induzido em 24 e 120 HAI; e em ‘Maçã’ houve indução em 48 e 72 HAI.

Os genes compartilhados (*APO*, *PRMS – 1*, *PRMS – 2*, *CESA7*, *GSTU6* e *PRB1-3*) e/ou exclusivos (*PER64* e *WRKY50*) para a cultivar ‘Maçã’ pelo RNAseq apresentaram um perfil similar na análise de expressão pelo RT-qPCR no tempo de 48 HAI, em que os genes *PRMS – 1* (Figura 26A), *PRMS – 2* (Figura 26B), *GSTU6* (Figura 25C), *PRB1-3* (Figura 26C) e *WRKY50* (Figura 26E) demonstraram ser induzidos por meio das duas técnicas. Já o gene *APO* (Figura 25E) foi *down regulated* na análise do transcriptoma pelo RNAseq e pelo RT-qPCR. Os genes *CESA7* (Figura 25A) e *PER64* (Figura 25B) demonstraram ser induzidos na análise por RNAseq e reprimidos pelo RT-qPCR.

Para a cultivar ‘Prata-anã’, o perfil de expressão (indução) dos genes *PRMS* – 1 (Figura 26A), *PRMS* – 2 (Figura 26B), *APO* (Figura 25E) e *PIP2-3* (Figura 25F) foi idêntico entre o RNAseq e o RT-qPCR para as amostras coletadas a 36 HAI. O gene *TPRP-F1* (Figura 25D) foi induzido em todos os períodos de análise pelo RT-qPCR e reprimido pelo RNAseq.

A maioria dos genes estão *up regulated* em todos os momentos de análise para a cultivar ‘BRS Platina’ pelo RT-qPCR, com exceção do gene *TPRP-F1*. Os genes *PRMS* – 1, *PRMS* – 2, *GSTU6*, *PRBI-3*, *TPRP-F1*, *PI206* e *ATL* estão *up regulated* por meio do RNAseq, com exceção do gene *APO* que está reprimido. De forma geral, no período de 24 e 48 HAI o padrão de expressão gênica foi similar para o RNAseq e o RT-qPCR para os genes *PRMS* – 1 (Figura 26A), *PRMS* – 2 (Figura 26B), *PRBI-3* (Figura 26C), *GSTU6* (Figura 25C), *PI206* (Figura 26D) e *ATL* (Figura 26F), nos quais foram induzidos em ambas as técnicas. A análise dos dados de expressão gênica por meio do RNAseq (*pool* de amostras coletadas a 12, 24, 36 e 48 HAI) e RT-qPCR (amostras coletadas a 0, 12, 24, 36, 48, 72, 120 e 192 HAI) demonstram a indução da expressão dos genes relacionados a sinalização, defesa e resistência da cultivar resistente em relação as outras cultivares.

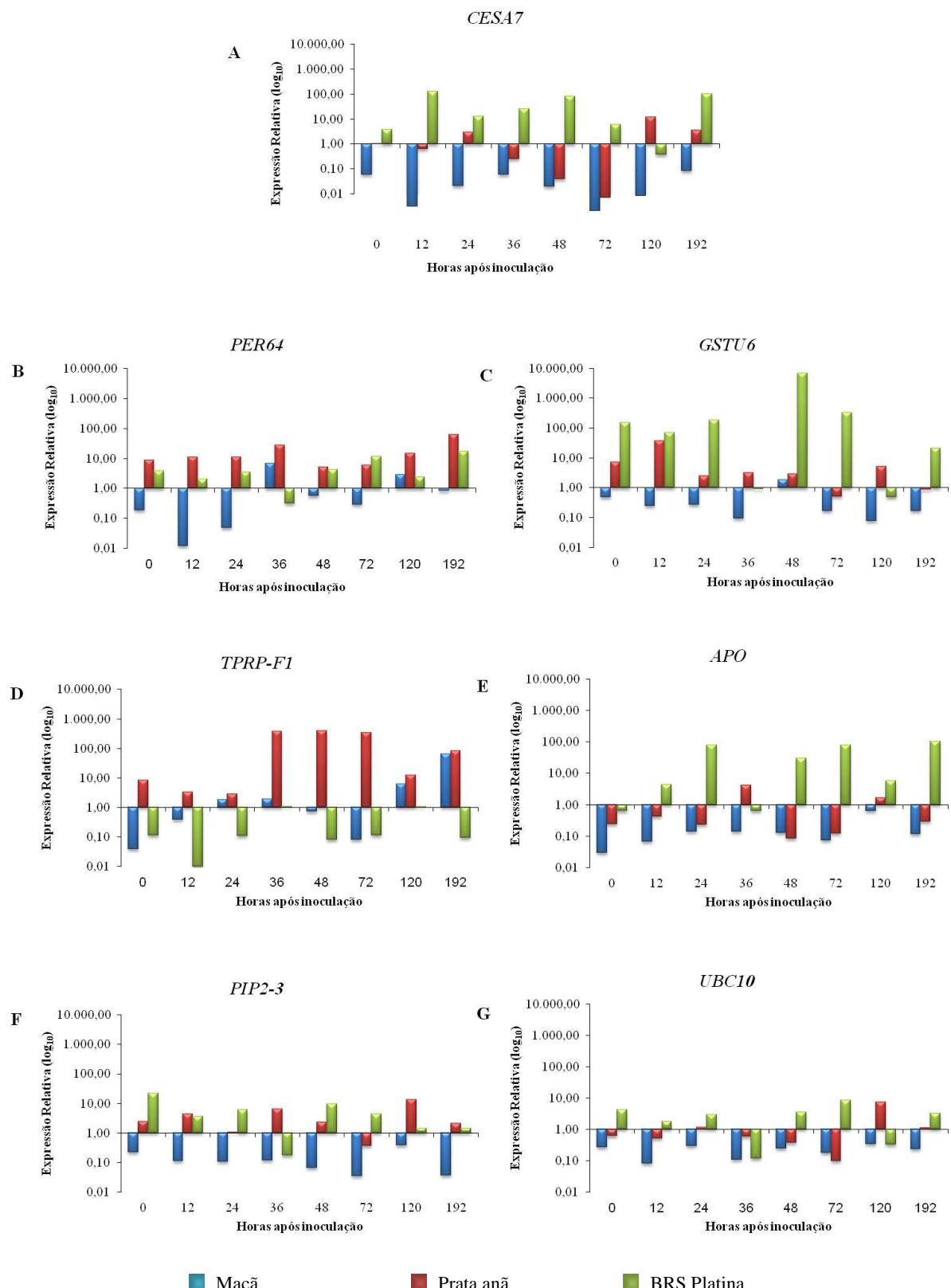


Figura 25 - Perfil de expressão relativa dos genes *Cellulose synthase A catalytic subunit 7* (*CESA7*) (A); *Peroxidase 64* (*PER64*) (B); *Putative Probable glutathione S-transferase* (*GSTU6*) (C); *14 kDa proline-rich protein DC2.15* (*TPRP-F1*) (D); *Aspartic proteinase oryzasin-1* (*APO*) (E); *Aquaporin PIP2-3* (*PIP2-3*) (F); *Ubiquitin-conjugating enzyme E2-17 kDa* (*UBC10*) (G) em amostras inoculadas com o *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* em

relação ao controle não inoculado no tempo 0 h. As quantificações foram normalizadas utilizando o gene de referência *Actina 2*

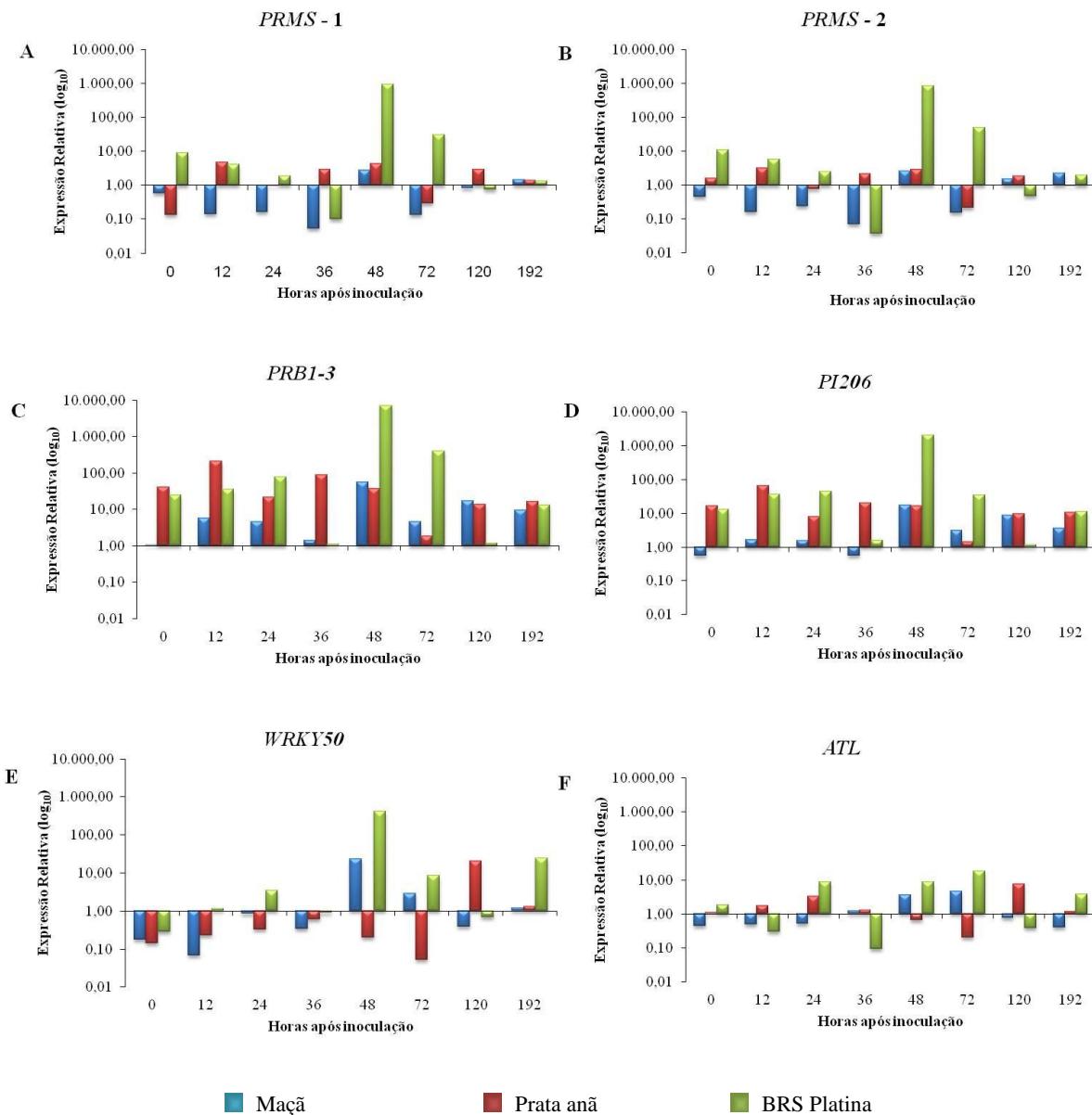


Figura 26 - Perfil de expressão relativa dos genes *Pathogenesis-related protein 1C* (*PRMS - 1*) (A); *Pathogenesis-related protein 1C* (*PRMS - 2*) (B); *Putative Pathogenesis-related protein PRB1-3* (*PRB1-3*) (C); *Putative Disease resistance response protein 206* (*PI206*) (D); *Superfamily of TFs having WRKY and zinc finger domains* (*WRKY50*) (E); *Auxin transporter-like protein 1* (*ATL*) (F) em amostras inoculadas com o *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* em relação ao controle não inoculado no tempo 0 h. As quantificações foram normalizadas utilizando o gene de referencia *Actina 2*

4.5 Modelo para resistência ao Foc raça 1 em bananeira

Durante a sua evolução, as plantas modificaram os mecanismos celulares, moleculares, fisiológicos e bioquímicos para se adaptarem ou sobreviverem às condições adversas, incluindo estresses biótico causados por patógenos. Entre as alterações, a resposta molecular em nível transcripcional tem sido demonstrada ser crucial para o estabelecimento de um conjunto de mecanismos de defesa contra a invasão por patógenos (FU et al., 2012).

Foram conduzidas análises em larga escala do transcriptoma na interação *Musa* spp. x *F. oxysporum* f. sp. *cubense*, empregando biblioteca subtrativa, *microarrays* e RNAseq (VAN DEN BERG et al., 2007; LI et al., 2012; WANG et al., 2012), além da disponibilidade do genoma (D'HONT et al. 2012). Contudo, pouco se sabe sobre os mecanismos moleculares da infecção e o foco dos estudos já conduzidos é com a raça tropical 4 (TR4), que não está presente nas plantações brasileiras. A resistência a TR4 foi obtida por meio da variação somaclonal e acredita-se que o reconhecimento de PAMPs (padrões moleculares associados a patógenos) e genes relacionados à defesa estariam envolvidos nos mecanismos de resistência (LI et al., 2012).

Por ser um patógeno de solo que sobrevive por longos períodos na ausência de hospedeiro, torna o uso de cultivares resistentes no método mais eficiente de controle. Algumas estratégias como rotação de cultura, aplicação de fungicidas, exclusão de plantas doentes não são tão eficazes ou viáveis. Por isso, o entendimento dos mecanismos de infecção do Foc é crucial.

Neste trabalho, analisaram-se as mudanças na expressão gênica durante a infecção de raízes de bananeira usando RNAseq nos estágios iniciais da interação e se caracterizou o processo de colonização do Foc. Para isso, foram utilizadas cultivares comerciais brasileiras contrastantes para a resistência, sendo que, este é o primeiro trabalho a analisar a padrão de expressão gênica na interação do Foc com ‘BRS Platina’ e a sugerir algum mecanismo de resistência ao Foc raça 1. O período inicial da interação nesse patossistema para estudo do transcriptoma foi escolhido porque foi hipotetizado que o mecanismo de resistência estaria associado ao reconhecimento do patógeno.

Em muitos casos, os mecanismos de proteção envolvem a indução de respostas de defesa. A habilidade das plantas para ativar suas reações de defesa é presumível ser mediada pelo processo de reconhecimento entre hospedeiro e patógeno e envolve a detecção de PAMPs e/ou elicitores do patógeno pelos receptores tipo quinase da planta, com a

subsequente cascata de eventos bioquímicos que leva a indução da expressão da resistência (DIXON; HARRISON; LAMB, 1994; DE ASCENSAO; DUBERY, 2000). A interação entre elicitores-receptor gerariam sinais que ativariam genes envolvidos com a resposta de defesa, tais como proteínas PRs, quitinases, glucanases, acúmulo de compostos fenólicos, peroxidase, glutationa-S-transferase, reforço de parede celular, deposição de glicoproteínas, calose e lignina que podem contribuir para o sistema de defesa da planta (KEEN, 1992).

Os resultados revelaram um padrão diferencial de expressão gênica nas plantas inoculadas em relação ao controle não inoculado, no qual vários genes relacionados ao reconhecimento, resistência, sinalização/regulação, fatores de transcrição, modificações na parede celular foram significativamente induzidos no genótipo resistente e, possivelmente contribuíram para resistência ao Foc raça 1. Além disso, os estudos morfo-anatômicos e de avaliação de sintomas demonstrara a limitação na infecção no estágios iniciais da ‘BRS Platina’. Baseado nestes resultados sugere-se um esquema ilustrativo dos mecanismos de defesa da cultivar ‘BRS Platina’ no processo de infecção pelo Foc raça 1 (Figura 27).

De forma geral, a cultivar ‘BRS Platina’ responde a infecção pelo Foc mais rápido e de forma mais eficaz do que ‘Prata-anã’, que reconhece o patógeno tarde, e a indução de expressão dos genes de sinalização e defesa não são suficientes para limitar a colonização do fungo. Em ‘BRS Platina’ foi detectado que algumas defesas são constitutivas, outras são ativadas após o reconhecimento do patógeno. Entre estas, estão à indução dos receptores tipo quinases, ricos em repetições em leucina (LRR) que ativam uma cascata de eventos moleculares e bioquímicos resultando na expressão dos genes de defesa (DE ASCENSÃO; DUBERY, 2000).

Estes resultados corroboram estudos realizados para interação bananeira x Foc TR4 (LI et al., 2012; WANG et al., 2012) em que receptores tipo quinases atuam no reconhecimento de PAMPs, desencadeando a ativação da resposta imune de maneira eficiente (FU et al., 2012). Após o reconhecimento do fungo e ativação dos mecanismos de transdução de sinal ocorre a indução de fatores de transcrição, que são um dos mais importantes eventos moleculares na resposta das plantas a patógenos. Em nosso estudo, foi identificado grande número de genes que codificam para fatores de transcrição, tais como WRKY, MYB, bHLH36 e Zinc finger significativamente induzidos após infecção com o patógeno na cultivar ‘Prata-anã’ e ‘BRS Platina’. Padrão de expressão similar foi encontrado para um estudo de interação incompatível melão-*Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum* (LU et al., 2011).

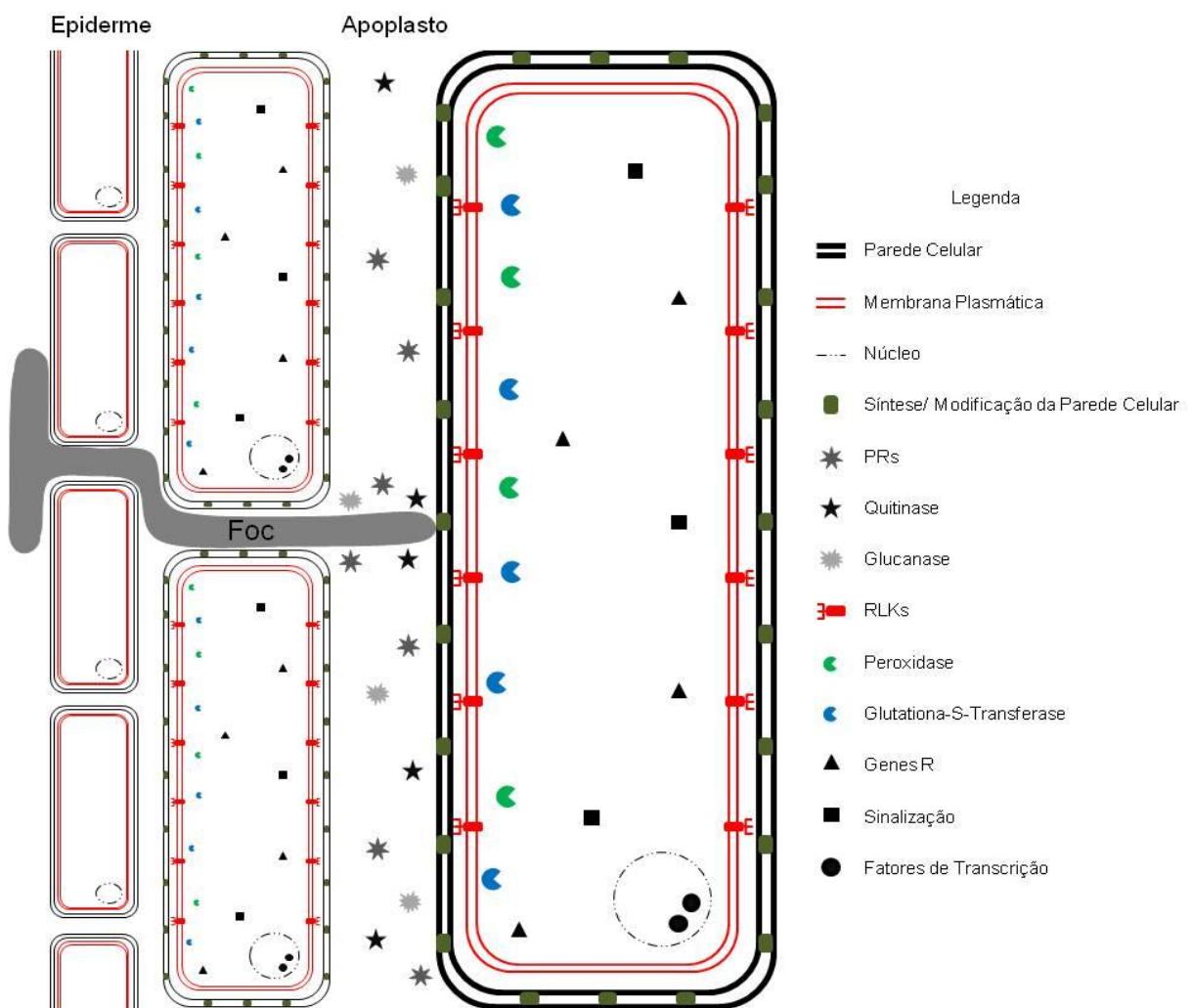


Figura 27 – Representação esquemática da resposta de resistência da cultivar ‘BRS Platina’ contra o ataque do *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* raça 1(Foc). Todos os genes representados no esquema apresentaram indução no padrão de expressão na interação ‘BRS Platina’ x Foc.

Estudos desenvolvidos com a infecção pelo *F. oxysporum* em outros hospedeiros demonstra que a resistência é expressa após infecção e que as raízes das plantas suscetíveis e inoculadas são infectadas (BECKMAN, 1990). O sucesso para a resistência depende do padrão e nível de expressão das respostas de defesa na raiz e no sistema vascular (BECKMAN, 1990). Os mecanismos de defesa são aditivos, mas é importante mencionar que as barreiras mecânicas como modificação/reforço da parede celular, gomas, tilose podem evitar que o Foc avance no sistema vascular (BECKMAN, 1990).

LI et al. (2011) demonstraram que a atividade antifúngica de exsudatos radiculares em cultivares resistentes suprime a germinação de microconídios de Foc raça 4, mas o mesmo não ocorre para cultivares suscetíveis. A resistência ao Foc em bananeira foi primeiramente

descrita considerando estrutura física da raiz e barreiras bioquímicas como secreção de gomas, formação de tilose e lignificação da parede celular (BECKMAN et al., 1961). Stevenson; Padgham e Haware (1995) demonstraram que exsudatos radiculares de grão-de-bico inibiram a germinação e o crescimento de *F. oxysporum* f. sp. *ciceri* sendo uma resposta constitutiva. A inibição também é dependente da concentração do inoculo no solo (STEVENSON; PADGHAM; HAWARE, 1995).

A parede celular não é a única barreira física, mas é a primeira barreira de defesa contra a penetração do patógeno. Em muitos casos de interação planta-patógeno, o padrão transcricional tem identificado a ativação de genes relacionados à biossíntese e modificação dos componentes da parede celular (LU et al., 2011; FU et al., 2012). A cultivar ‘BRS Platina’ apresentou indução destes genes no período inicial da interação, identificados pelo RNAseq e confirmados pelo RT-qPCR. É importante ressaltar que, foi visualizada a colonização do Foc nesta cultivar aos 15 DAI, mas o crescimento do Foc parece limitado, que a parede celular de quitina do fungo apresenta aspecto de enrijecimento. A cultivar ‘BRS Platina’ parece responder à colonização do fungo com significante indução de quitinases, glucanases, além da ação de metabólitos de defesa como oxalato de cálcio e formação de tilose. Deposição de calose também foi identificada por teste histoquímico com fluorescência forte na ‘BRS Platina’ confirmando mais uma vez o reforço da parede celular na contenção da penetração do patógeno. Apesar de visualizar o fungo nas células do córtex nesta cultivar, a avaliação dos sintomas demonstra que não há efeitos subsequentes da infecção, sem apresentar diferenças visuais no rizoma, pseudocaule e no crescimento entre o material inoculado e o controle não inoculado.

Outras famílias gênicas importantes na interação planta-patógeno como genes de resistência (NB-LRR), proteínas PRs, quitinases, glucanases e sistema anti-oxidante (glutationa-S-transferase e peroxidases) foram altamente induzidas na cultivar resistente e estão diretamente associadas aos mecanismos de defesa da planta. Resultado similar foi encontrado por Lu et al. (2011) e Fu et al. (2012).

5 CONCLUSÕES

- 1- As cultivares ‘BRS Platina’, ‘Prata-anã’ e ‘Maçã’ apresentaram mecanismos contrastantes na interação com o Foc raça 1.O mecanismo de resistência/defesa ao Foc na cultivar resistente ocorre em nível de percepção precoce na presença do patógeno desencadeando resposta de defesa inexistente na cultivar suscetível, e com cinética distinta da cultivar com resposta intermediária.
- 2- Estudos histológicos e histoquímico permitiram caracterizar o processo de infecção ao Foc raça 1 nas três cultivares, sendo possível identificar estruturas de resistência (clamidósporos) em ‘Maçã’ e ‘Prata-anã’, e respostas defesa ao fungo,tais como, tilose, calose e oxalato de cálcio em ‘BRS Platina’;
- 3- A cultivar BRS Platina apresenta indução da expressão de genes de defesa e resistência na presença e na ausência do patógeno;
- 4- Genes de reconhecimento de patógeno localizados na membrana plasmática (*AT2G25790*, *CLVI*, *AT3G47570* e *FLS2*), sinalização (*ARG7* e *OS01G0856500*), fatores de transcrição (*WRKY75* e *MYB21*), resistência (*PI206*), genes de defesa (*WIN1*, *OMT*, *CHT1*, *PRI*, *PARA*, *COMT1* e *TL1*) e síntese/modificação de parede celular (*XTH22*, *GYG2* e *XTH32*) apresentaram maior indução no padrão de expressão no genótipo resistente inoculado em relação ao controle não inoculado e também em relação aos outros genótipos;
- 5- A avaliação da expressão gênica pelo RT-qPCR corrobora a robustez dessa técnica quando comparado com o perfil transcracional dos mesmos genes pelo RNAseq, em que, a maioria dos genes relacionadas à resposta de defesa foram induzidos na ‘BRS Platina’, em até 48 HAI;
- 6- A maioria dos genes analisados pelo RT-qPCR apresentaram um padrão constitutivo e/ou induzido em todos os tempos de coleta para a cultivar ‘BRS Platina’. Para a cultivar ‘Maçã’, a maioria foram reprimidos em quase todos os tempos de análise, principalmente no período inicial da interação sendo que, alguns genes foram levemente induzidos a partir de 48 HAI;
- 7- O estudo do transcriptoma por meio de metodologias como RNAseq, permitiu o entendimento de alguns mecanismos de defesa e resistência ao Foc raça 1 além de fornecer novas perspectivas para estudos de análise funcional, identificação e anotação de novos genes.

REFERÊNCIAS

- AGRIOS, G. N. **Plant pathology.** 5.ed. San Diego: Academic Press, 2005. 635p.
- APPEZATO-DA-GLORIA, B.; CARMELO-GUERREIRO, S.M. **Anatomia vegetal.** Viçosa, MG: Editora UFV, 2003.438p.
- ARAÚJO, J.C.A.; MATSUOKA, K. Histopatologia da interação *Alternaria solani* e tomateiros resistente e suscetível. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 29, n. 3, p. 268-275, 2004.
- BARBAZUK, W.B.; EMRICH, S.J.; CHEN, H.D.; LI, L.; SCHNABLE, P.S. SNP discovery via 454 transcriptome sequencing. **Plant Journal**, Oxford, v. 51, p. 910-918, 2007.
- BECKMAN, C. H. Host responses to the pathogen. In: PLOETZ, R.C. **Fusarium wilt of banana.** Minnesota, USA: APS Press, 1990. p.93-105.
- BECKMAN, C.H.; MACE, M.E.; HALMOS, S.; MCGAHAN, M.W. Physical barriers associated with resistance in *Fusarium* wilt of bananas. **Phytopathology**, Saint Paul, v. 51, p. 507–515, 1961.
- BECKMAN, C.H. Phenolic-storing cells: keys to programmed cell death and periderm formation in wilt disease resistance and in general defence responses in plants? **Physiological and Molecular Plant Pathology**, London, v.57, p. 101-110, 2000.
- BECKMAN, C.H.; VERDIER, P.A.; MUELLER, W.C. A system of defence in depth provided by vascular parenchyma cells of tomato in response to vascular infection with *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*, race 1. **Physiological and Molecular Plant Pathology**, London, v. 34, p. 227-239, 1989.
- BEDENDO, I. Ambiente e Doença. In: BERGAMIN FILHO, A.; KIMATI, H.; AMORIM, L. **Manual de Fitopatologia.** 3. ed. São Paulo, SP: Agronômica Ceres, 1995. v. 1, p. 331-341.
- BENJAMINI, Y.; HOCHBERG, Y. Controlling the false discovery rate: a practical and powerful approach to multiple testing. **Journal of the Royal Statistical Society**, London, v. 57, n. 1, p. 289-300, 1995.
- BENNETT, M.; GALLAGHER, M., FAGG, J.; BESTWICK, C.; PAUL, T.; BEALE, M.; MANSFIELD, J. The hypersensitive reaction, membrane damage and accumulation of autofluorescent phenolics in lettuce cells challenged by *Bremia lactucae*. **The Plant Journal**, Oxford, v. 9, p. 851-865, 1996.
- BERROCAL-LOBO, M.; MOLINA, A. Arabidopsis defense response against *Fusarium oxysporum*. **Trends in Plant Science**, London, v.13, p.145–150, 2008.
- BOLLER, T.; FELIX, G. A renaissance of elicitors: perception of microbe-associated molecular patterns and danger signals by pattern-recognition receptors. **Annual Review Plant Biology**, Palo Alto, v. 60, p. 379-406, 2009.

BRAUTIGAM, A.; GOWIK, U. What can next generation sequencing do for you? Next generation sequencing as a valuable tool in plant research. **Plant Biology**, New Jersey, v.12, p.831 - 841, 2010.

BRODY, J. R.; KERN, S.E. Sodium boric acid: a Tris-free, cooler conductive medium for DNA electrophoresis. **BioTechniques**, Natick, v. 36, p. 214-216, 2004.

BRUNDRETT, M.; BOUGHER, N.; DELL, B.; GROVE, T.; MALAJCZUK, N. **Working with Mycorrhizas in Forestry and Agriculture**. Austrália: ACIAR Monograph, 1996. 374p.

CAMPOS, M.A.; RESENDE, M.L.V.; SILVA, M.S. Interações moleculares planta-patógeno. In: FALEIRO, F.G.; ANDRADE, S.R.M. DE; REIS JR., F. B. **Biotecnologia aplicada à agropecuária**. Planaltina, DF: Embrapa Cerrados, 2010. p. 355-377.

CARVALHO, M.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.

CEITA, G.O.; MACÊDO, J.N.A.; SANTOS, T.B.; ALEMANNO, L.; GESTEIRA, A.S.; MICHELI, F.; MARIANO, A.C.; GRAMACHO, K.P.; SILVA, D.C.; MEINHARDT, L.; MAZZAFERA, P.; PEREIRA, G.A.G.; CASCARDO, J.C.M. Involvement of calcium oxalate degradation programmed cell death in *Theobroma cacao* tissues triggered by the hemibiotrophic fungus *Moniliophthora perniciosa*. **Plant Science**, Amsterdam, v. 173, n. 2, p. 106-117, 2007.

CHEN, X-Y.; KIM, J-Y. Callose synthesis in higher plants. **Plant Signaling & Behavior**, Austin, v. 4, n. 6, p. 489-492, 2009.

CHEN, L.; ZHONG, H.; KUANG, J.; LI, J.; LU, W.; CHEN, J. Validation of reference genes for RT-qPCR studies of gene expression in banana fruit under different experimental conditions. **Planta**, New York, v. 234, p. 377-390, 2011.

CLERIVET, A.; DEON, V.; ALAMI, I.; LOPEZ, F.; GAIGER, J.P.; NICOLE, M. Tyloses and gels associated with cellulose accumulation in vessels are responses of plane tree seedlings (*Platanus acerifolia*) to the vascular fungus *Ceratocystis fimbriata* f. sp. *platani*. **Trees**, Montpellier , v. 15, p. 25-31, 2000.

CONESA, A.; GOTZ, S.; GARCIA-GOMEZ, J.M.; TEROL, J.; TALON, M.; ROBLES, M. Blast2GO: a universal tool for annotation, visualization and analysis in functional genomics research. **Bioinformatics**, Oxford, v. 21, p. 3674-3676, 2005.

CORDEIRO, Z.J.M.; SHEPHERD, K.; SOARES FILHO, W.S. DANTAS, J.L.L. CORRELL, J.C. The relationship between formae speciales, races, and vegetative compatibility groups in *Fusarium oxysporum*. **Phytopathology**, Saint Paul, v. 81, n. 9, p. 1061-1064, 1991.

CORDEIRO, Z.J.M.; SHEPHERD, K.; SOARES FILHO, W.S.; DANTAS, J.L.L. Avaliação de resistência ao mal-do-Panamá em híbridos tetraplóides de bananeira. **Fitopatologia Brasileira**, Brasília, v. 18, n. 4, p. 478-483, 1993.

CORDEIRO, Z. J. M.; MATOS, A. P. Mal-do-panamá: fim do bananal? **Cultivar Hortalícias e Frutas**, Pelotas, v. 3, n. 18, p. 27-29, 2003.

CORDEIRO, Z.J.M.; MATOS, A.P.; MEISSNER FILHO, P.E. Doenças e Métodos de Controle. In: BORGES, A.L.; SOUZA, L.S. **O Cultivo da Bananeira**. Cruz das Almas, BA: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2004. 279p.

CORDEIRO, Z.J.M.; MATOS, A.P.; KIMATI, H. Doenças da bananeira (*Musa spp.*). In: KIMATI, H.; AMORIN, L.; REZENDE, J.A.M.; BERGAMIN FILHO, A.; CAMARGO, L.E.A. **Manual de Fitopatologia**: Doenças das plantas cultivadas. São Paulo, SP: Agronômica Ceres, 2005. p. 99-117.

COSTA, H.; ZAMBOLIM, L.; VENTURA, J. A. Doenças de hortaliças que se constituem em desafio para o controle. In: ZAMBOLIM, L.; LOPES, C. A.; PICANÇO, M. C.; COSTA, H. **Manejo integrado de doenças e pragas**: hortaliças. Viçosa: UFV, 2007. p. 319–336.

CUI, H.; XIANG, T.; ZHOU, J.M. Plant immunity: a lesson from pathogenic bacterial effector proteins. **Cellular Microbiology**, New Jersey, v.11, n.10, p.1453-1461, 2009.

CZYMMEK, K.J.; FOGG, M.; POWELL, D.H.; SWEIGARD, J.; PARK, S.; KANG, S. *In vivo* time-lapse documentation using confocal and multi-photon microscopy reveals the mechanisms of invasion into the *Arabidopsis* root vascular system by *Fusarium oxysporum*. **Fungal Genetics and Biology**, San Diego, v. 44, p. 1011-1023, 2007.

DALY, A.; WALDUCK, G. ***Fusarium* wilt of bananas (Panama disease)** Agnote 151. Australia: Northern Territory Government. 2006. Disponível em:
[https://transact.nt.gov.au/ebiz/dbird/TechPublications.nsf/1717DB3D7CD580C06925723C004EA6DD/\\$file/786.pdf?OpenElement](https://transact.nt.gov.au/ebiz/dbird/TechPublications.nsf/1717DB3D7CD580C06925723C004EA6DD/$file/786.pdf?OpenElement) . Acesso em: 20 out. 2012.

DE ASCENSAO, A.R.D.C.F.; DUBERY, I.A. Panama disease: cell wall reinforcement in banana roots in response to elicitors from *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* race four. **Phytopathology**, Saint Paul, v. 90, p. 1173-1180, 2000.

D'HONT, A.; DENOEUD, F.; AURY, J-M.; BAURENS, F-C.; CARREEL, F.; GARSMEUR, O.; NOEL, B.; BOCS, S.; DROC, G.; ROUARD, M.; DA SILVA, C.; JABbari, K.; CARDI, C.; POULAIN, J.; SOUQUET, M.; LABADIE, K.; JOURDA, C.; LENGELLE, J.; RODIER-GOUD, M.; ALBERTI, A.; BERNARD, M.; CORREA, M.; AYYAMPALAYAM, S.; MCKAIN, M. R.; LEEBENS-MACK, J.; BURGESS, D.; FREELING, M.; MBEGUIE-A-MBEGUIE, D.; CHABANNES, M.; WICKER, T.; PANAUD, O.; BARBOSA, J.; HRIBOVA, E.; HESLOP-HARRISON, P.; HABAS, R.; RIVALLAN, R.; FRANCOIS, P.; POIRON, C.; KILIAN, A.; BURTHIA, D.; JENNY, C.; BAKRY, F.; BROWN, S.; GUIGNON, V.; KEMA, G.; DITA, M.; WAALWIJK, C.; JOSEPH, S.; DIEVART, A.; JAILLON, O.; LECLERCQ, J.; ARGOUT, X.; LYONS, E.; ALMEIDA, A.; JERIDI, M.; DOLEZEL, J.; ROUX, N.; RISTERUCCI, A-M.; WEISSENBACH, J.; RUIZ, M.; GLASZMANN, J-C.; QUETIER, F.; YAHIAOUI, N.; WINCKER, P. The banana (*Musa acuminata*) genome and the evolution of monocotyledonous plants. **Nature**, London, v. 488, p. 213-217, 2012.

DIENER, A.C.; AUSUBEL, F.M. Resistance to *Fusarium oxysporum* 1, a dominant *Arabidopsis* disease-resistance gene, is not race specific. **Genetics**, Bethesda, v.171, p.305-321, 2005.

DING, X.; RICHTER, T.; CHEN, M.; FUJII, H.; SEO, Y.S.; XIE, M.; ZHENG, X.; KANRAR, S.; STEVENSON, R.A.; DARDICK, C.; LI, Y.; JIANG, H.; ZHANG, Y.; YU, F.; BARTLEY, L.E.; CHERN, M.; BART, R.; CHEN, X.; ZHU, L.; FARMERIE, W.G.; GRIBSKOV, M.; ZHU, JK.; FROMM, M.E.; RONALD, P.C.; SONG, WY. A Rice Kinase-Protein Interaction Map1[W][OA]. **Plant Physiology**, Rockville, v. 149, p. 1478 - 1492, 2008.

DIXON, R.A.; HARRISON, M.J.; LAMB, C.J. Early events in the activation of plant defence responses. **Annual Review of Phytopathology**, Palo Alto, v. 32, p. 479-501, 1994.

DOEGE, S.J. The role of natural calcium oxalate crystals in plant defense against chewing insects. **Inquiry**, Arkansas, v. 4, p. 88-94 2003.

EMRICH, S.J.; BARBAZUK, W.B.; LI, L.; SCHNABLE, P.S. Gene discovery and annotation using LCM-454 transcriptome sequencing. **Genome Research**, Cold Spring Harbor, v. 17, p. 69–73, 2007.

EMRICH, S.J.; BARBAZUK, W.B.; LI, L.; SCHNABLE, P.S. Gene discovery and annotation using LCM-454 transcriptome sequencing. **Genome Research**, Cold Spring Harbor, v. 17, p. 69–73, 2007.

ESCHRICH, W.; CURRIER, H.B. Identification of callose by its diachrome and fluochrome reactions. **Stain Technology**, Baltimore, v. 39, p. 653-669, 1964.

EYNCK, C.; KOOPMANN, B.; GRUNEWALDT-STOCKER, G.; KARLOVSKY, P.; VON TIEDEMANN, A. Differential interactions of *Verticillium longisporum* and *Verticillium dahliae* with *Brassica napus* detected with molecular and histological techniques. **European Journal of Plant Pathology**, Dordrecht, v. 118, p. 259-274, 2007.

FILICHKIN, S.A.; PRIEST, H.D.; GIVAN, S.A.; SHEN, R.; BRYANT, D.W.; FOX, S.E.; WONG, W.K.; MOCKLER, T.C. Genome-wide mapping of alternative splicing in *Arabidopsis thaliana*. **Genome Research**, Cold Spring Harbor, v.20, p.45-58, 2010.

FLOR, H. H. Current status of the gene-for-gene concept. **Annual Review of Phytopathology**, Palo Alto, v.9, p.275-296, 1971.

FAO. **Agricultural Database**. Disponível em: www.fao.org. Acesso em: 15 out. 2012.

FOURIE, G.; STEENKAMP, E. T.; PLOETZ, R. C.; GORDON, T. R.; VILJOEN, A. Current status of the taxonomic position of *Fusarium oxysporum formae specialis cubense* within the *Fusarium oxysporum* complex. **Infection, Genetics and Evolution**, Amsterdam, v. 11, p. 533-542, 2011.

FRANCESCHI, V. Calcium oxalate in plants. **Trends in Plant Science**, London, v. 6, p. 331, 2001.

FU, X.Z.; GONG, X.Q.; ZHANG, Y.X.; WANG, Y.; LIU, J.H. Different transcriptional response to *xanthomonas citri* subsp. *citri* between kumquat and sweet orange with contrasting canker tolerance. **Plos One**, San Francisco, v. 7, n. 7, e.41790, 2012.

GORDO, S. M. C.; PINHEIRO, D. G.; MOREIRA, E. C. O.; RODRIGUES, S. M.; POLTRONIERI, M. C.; LEMOS, O. F.; SILVA, I. T.; RAMOS, R. T. J.; SILVA, A.; SCHNEIDER, H.; SILVA JR, W. A.; SAMPAIO, I.; DARNET, S. High-throughput sequencing of black pepper root transcriptome. **BMC Plant Biology**, London, v.12, p.168, 2012.

GRANT, M.; LAMB, C. Systemic immunity. **Current Opinion in Plant Biology**, London, v. 9, p. 414-420. 2006.

GROENEWALD, S.; VAN DEN BERG, N.; MARASAS, W. F. O.; VILJOEN, A. The application of high-throughput AFLP's in assessing genetic diversity in *Fusarium oxysporum* f. sp *cubense*. **Mycological Research**, Oxoxn, v. 110, p. 297-305, 2006.

GUELETTE, B.S.; BENNING, U.F.; HOFFMANN-BENNING, S. Identification of lipids and lipid-binding proteins in phloem exudates from *Arabidopsis thaliana*. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v.63, n.10, p.1 – 14, 2012.

HAFFANI, Y.Z.; SILVA, N.F.; GORING, D.R. Receptor kinase signalling in plants. **Canadian Journal of Botany**, Montreal, v. 82, p. 1-15, 2004.

HARPER, C.J.; BOMFLEUR, B.; DECOMBEIX, A-L.; TAYLOR, E.L.; TAYLOR, T.N.; KRINGS, M. Tylosis formation and fungal interactions in an Early Jurassic conifer from northern Victoria Land, Antarctica. **Review of Palaeobotany and Palynology**, Amsterdam, v. 175, p. 25 - 31, 2012.

HINCH, J.M.; CLARKE, A.E. Callose formation in *Zea mays* as a response to infection with *Phytophthora cinnamomi*. **Physiological Plant Pathology**, London, v. 21, p. 113-124, 1982.

INOUE, I.; NAMIKI, F.; TSUGE, T. Plant Colonization by the Vascular Wilt Fungus *Fusarium oxysporum* Requires *FOW*, a Gene Encoding a Mitochondrial Protein. **Plant Cell**, Rockville, v. 14, p. 1869-1883, 2002.

JOHAL, G.S.; GRAY, J.; GRUIS, D.; BRIGGS, S.P. Convergent insights into mechanisms determining disease and resistance response in plant-fungal interactions. **Canadian Journal Botany**, Montreal, v. 73, p. 468-474, 1995.

JOHANSSON, A.; STAAL, J.; DIXELIUS, C. Early responses in the *Arabidopsis–Verticillium longisporum* pathosystem are dependent on NDR1, JA and ET-associated signals via cytosolic NPR1 and *RFO1*. **Molecular Plant-Microbe Interactions**, Saint Paul, v. 19, p. 958–969, 2006.

JONES, J.D.; DANGL, J.L. The plant immune system. **Nature**, London, v. 444, p. 323-329, 2006.

JOOBEUR, T.; KING, J.J.; NOLIN, S.J.; THOMAS, C.E.; DEAN, R.A. The Fusarium wilt resistance locus Fom-2 of melon contains a single resistance gene with complex features. **The Plant Journal**, Hoboken, v. 39, p. 283–297, 2004.

KADER, J.C. Lipid-transfer proteins in plants. **Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology**, Palo Alto, v. 47, p. 627 – 654, 1996.

KEEN, N. T. The molecular biology of disease resistance. **Plant Molecular Biology**, Dordrecht, v. 19, p. 109-122, 1992.

KUKU, A.; ODEKANYIN, O.; ADENIRAN, K.; ADEWUSI, M.; OLONADE, T. Purification of a mannose/glucose-specific lectin with antifungal activity from pepper seeds(*Capsicum annuum*). **African Journal of Biochemistry Research**, Nairobi, v. 3, p. 272-278, 2009.

KUROZAWA, C.; PAVAN, M.A.P. Doenças do tomateiro. In: KIMATI, H.; AMORIM, A.; BERGAMIN FILHO, A. **Manual de fitopatologia**: doenças de plantas cultivadas. 4. ed. São Paulo: Agronômica Ceres, 2005. v. 2, p. 607– 626.

LAGOPODI, A.L.; RAM, A.F.J.; LAMERS, G.E.M.; PUNT, P.J.; VAN DEN HONDEL, C.A.M.J.J.; LUGTENBERG, B.J.J.; BLOEMBERG, G.V.; Novel Aspects of Tomato Root Colonization and Infection by *Fusarium oxysporum* f. sp. *radicis-lycopersici* Revealed by Confocal Laser Scanning Microscopic Analysis Using the Green Fluorescent Protein as a Marker. **Molecular Plant Microbe Interactions**, Saint Paul, v. 15, n. 2, p. 172-179, 2002.

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, R25, 2009.

LESLIE, J.F.; SUMMERELL, B.A. **The Fusarium laboratory manual**. Ames: Blackwell, 2006. 388 p.

LI, C.; CHEN, S.; ZUO, C.; SUN, Q.; YE, Q.; YI, G.; HUANG, B. The use of GFP-transformed isolates to study infection of banana with *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* race 4. **European Journal of Plant Pathology**, Dordrecht, v.131, n. 2, p. 327-340, 2011.

LI, C.; DENG, G.; YANG, J.; VILJOEN, A.; JIN, Y.; KUANG, R.; ZUO, C.; LV, Z.; YANG, Q.; SHENG, O.; WEI, Y.; HU, C.; DONG, T.; YI, G. Transcriptome profiling of resistant and susceptible Cavendish banana roots following inoculation with *Fusarium*. **BMC Genomics**, London, v. 13, p.374, 2012.

LI, H.; DURBIN, R. Fast and accurate short read alignment with Burrows-Wheeler transform. **Bioinformatics**, Oxford, v.14, p.1754-60, 2009.

LISTER, R.; MALLEY, R.C.O.; TONTI-FILIPPINI, J.; GREGORY, B.D.; BERRY, C.C.; MILLAR, A.H.; ECKER , J.R. Highly integrated single-base resolution maps of the epigenome in Arabidopsis. **Cell**, Cambridge, v. 133, p. 523–536, 2008.

- LU, G.; GUO, S.; ZHANG, H.; GENG, L.; SONG, F.; FEI, Z.; XU, Y. Transcriptional profiling of watermelon during its incompatible interaction with *Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum*. **European Journal of Plant Pathology**, Dordrecht, v. 131, p. 585–601, 2011.
- MARIONI, J.C.; MASON, C.E.; MANE, S.M.; STEPHENS, M.; GILAD, Y. RNA-seq: An assessment of technical reproducibility and comparison with gene expression arrays. **Genome research**, Cold Spring Harbor, v. 18, n. 9, p. 1509-1517, 2008.
- MARTE, M.; MONTALBINI, P. Microfluorescenza in foglie di fagiolo suscettibile e resistente alla ruggine. **Phytopathologische Zeitschrift**, Berlim, v. 75, p. 59-73, 1972.
- MATIELLO, R.R.; BARBIERI, R.L.; CARVALHO, F.I.F. Resistência das plantas a moléstias fúngicas. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 27, n. 1, p. 161-168, 1997.
- MATOS, A.P.; BORGES, M.F.; SILVA, S.O.; CORDEIRO, Z.J.M.; ANDRADE, S.M. Reaction of banana genotypes to Fusarium wilt (*Fusarium oxysporum* f.sp. *cubense*) under field conditions in Brazil. In: REUNIÃO DA ASSOCIAÇÃO PARA A COOPERAÇÃO EM PESQUISA E DESENVOLVIMENTO INTEGRAL DAS MUSACEAS (BANANAS E PLATANOS), 1998, Guayaquil. **Anais...** Guayaquil: ACORBAT, 1998. p. 311-318.
- MATOS, A.P.; CORDEIRO, Z.J.M.; SILVEIRA, J.S.; FERREIRA, D.M.V. O mal-do-Panamá ou murcha de fusarium da bananeira. In: SIMPÓSIO NORTE MINEIRO SOBRE A CULTURA DA BANANA, 2001, Nova Porteirinha, MG. **Anais...** Campinas: EPAMIG, 2001. p. 38-50.
- MICHIELSE, C.B.; REP, M. Pathogen profile update: *Fusarium oxysporum*. **Molecular Plant Pathology**, Oxford, v. 10, n.3, p. 311-324, 2009.
- MOHAMED, A.A.; MAK, C.; LIEW, K.W.; HO, Y.W. Early evaluation of banana plants at nursery stage for fusarium wilt tolerance. Proc. of the International Workshop on the banana fusarium wilt disease. **Genting Highland Resort**, Malaysia, v. 18-20, p. 174-185, 1999.
- OLIVEROS, J.C.V. **An interactive tool for comparing lists with Venn Diagrams**. Disponível em: <http://bioinfogp.cnb.csic.es/tools/venny/index.html>. Acesso em: 15 set. 2012.
- OSELEBE, H.O.; TENKOUANO, A.; PILLAY, M. Ploidy variation of Musa hybrids from crosses. **African Journal of Biotechnology**, Nairobi, v.5, n.3, p.1048-1053, 2006.
- OUELLETTE, G.B.; RIOUX, D. Anatomical and physiological aspects of resistance to Dutch elm disease. In: BLANCHETTE, R.A.; BIGGS, A.R. **Defense mechanisms of woody plants against fungi (Springer series in wood sciences)**. Berlin: Springer-Verlag, 1992. p.257-307.
- PASCHOLATTI, S.F., LEITE, B. Hospedeiro: mecanismos de resistência. In: BERGAMIN FILHO, A., KIMATI, H., AMORIN, L. **Manual de Fitopatologia**. São Paulo: Agronômica Ceres, 1995. p. 417-453.
- 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, e.30619, 2012.

PERAZA-ECHEVERRIA, S. **Molecular cloning and characterisation of potential *Fusarium* resistance genes in banana (*Musa acuminata* ssp.*malaccensis*)**. 2007. 200 p. Thesis (Plant Biotechnology Program) Queensland University of Technology, Queensland, 2007.

PERAZA-ECHEVERRIA, S.; DALE, J.L.; HARDING, R.M.; SMITH, M.K.; COLLET, C. Characterization of disease resistance gene candidates of the nucleotide binding site (NBS) type from banana and correlation of a transcriptional polymorphism with resistance to *Fusarium oxysporum* f.sp. *cubense* race 4. **Molecular Breeding**, Dodrecht, v. 22, p. 565-579, 2008.

PFAFFL, M.W.; HORGAN, G.W.; DEMPFLER, L. Relative expression software tool (REST) for groupwise comparison and statistical analysis of relative expression results in real-time PCR. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 30, n. 9, p. 36, 2002.

PHILLIPS, J.M.; HAYMANN, A.S. Improved procedures for clearing roots and staining parasitic and vesicular-arbuscular mycorrhizal fungi for assessment of infection. **Transactions British Mycological Society**, New York, v. 55, p. 158-161, 1970.

PLOETZ, R.C. Fusarium wilt of banana is caused by several pathogens referred to as *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*. **Phytopathology**, Saint Paul, v. 96, n. 6, p. 653-656, 2006.

PLOETZ, R.C. Panama disease: An old nemesis rears its ugly head. Part 2, The Cavendish era and beyond. **APS net, Feature Story**. 2005. Disponível em: <<http://www.apsnet.org/online/feature/panama2/>>. Acesso em: 20 ago. 2011.

PLOETZ, R.C. Panama-disease - Return of the first banana menace. **International Journal of Pest Management**, Oxon, v. 40, p. 326-336, 1994.

PLOETZ, R.C. Variability In *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*. **Canadian Journal of Botany**, Montreal, v. 68, n. 6, p. 1357-1363, 1990.

QUIRINO, B.F.; BENT, A.F. Deciphering host resistance and pathogen virulence: the *Arabidopsis/Pseudomonas* interaction as a model. **Molecular Plant Pathology**, Oxford, v. 4, n. 6, p. 517-530, 2003.

ROCHA, J.F.; NEVES, L.J.; PACE, L.B. Estruturas secretoras em folhas de *Hibiscus tiliaceus* L. e *Hibiscus pernambucensis* Arruda. **Revista Universidade Rural**, Seropédica, v. 22, n.1, p. 43-55, 2002.

SCHWAN-ESTRADA, K.R.F.; STANGARLIN, J.R.; PASCHOLATI, S.F. Mecanismos bioquímicos de defesa vegetal. In: PASCHOLATI, S.F.; LEITE, B.; STANGARLIN, J.R.; CIA, P. **Interação Planta Patógeno – fisiologia, Bioquímica e Biologia Molecular**. Piracicaba: FEALQ, 2008. p.227-248.

SHE, R.; CHU, J.S.; WANG, K.; PEI, J.; CHEN, N. GenBlastA: enabling BLAST to identify homologous gene sequences. **Genome Research**, Cold Spring Harbor, v. 19, n. 1, p. 143-149, 2009.

- SILVA, S.O.; ALVES, E.J.; SHEPHERD, K.; DANTAS, J.L.L. Cultivares. In: ALVES, E. J. **A cultura da Banana:** aspectos técnicos, socioeconômicos e agroindustriais. 2.ed. Brasília: Embrapa-SPI/Cruz das Almas, 1999. p. 85-105.
- SILVA, S.O.; GASPAROTTO, L.; MATOS, A.P.; CORDEIRO, Z.J.M.; FERREIRA, C.F.; RAMOS, M.M.; JESUS, O.N. **Banana Breeding Program in Brazil - Recent Results.** Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura, 2003. 39p.
- SILVA, S.O.; MATOS A.P.; CORDEIRO, Z.J.M.; LIMA, M.J.C.; AMORIM, E.P. Avaliação de genótipos tetraploidos de bananeira cultivados em área infestada pelo agente causal do mal-do-Panamá. **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v. 33, p. 125-132, 2011.
- SILVA, S.O.; MATOS, A.P.; ALVES, E.J. Melhoramento genético da bananeira. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 33, p.693-703, 1998.
- SIMMONDS, N. W.; SHEPHERD, K. Taxonomy and origins of cultivated bananas. **Journal of the Linnean Society Botany**, London, v.55, p. 302-312, 1955.
- SIMONS, G.; GROENENDIJK, J.; WIJBRANDI, J.; REIJANS, M.; GROENEN, J.; DIERGAARDE, P.; VAN DER LEE, T.; BLEEKER, M.; ONSTENK, J.; BOTH, M.; HARING, M.; MES, J.; CORNELISSE, B.; ZABEAU, M.; VOS. P. Dissection of the Fusarium I2 gene cluster in tomato reveals six homologs and one active gene copy. **Plant Cell**, Rockville, v. 10, p. 1055–1068, 1998.
- SMITH, M. K.; HAMILL,S.D.; LANGDON, P.W.; GILES, J.E.; DOOGAN, V.J.; PEGG, K.G. Towards the development of a Cavendish banana resistant to race 4 of Fusarium wilt: gamma irradiation of micropropagated Dwarf Parfitt (*Musa* spp., AAA group, Cavendish subgroup). **Australian Journal of Experimental Agriculture**, Victoria, v. 46, n. 1, p. 107-113, 2006.
- SMITH, S.N. An overview of ecological and habitat aspects in the genus Fusarium with special emphasis on the soil-borne pathogenic forms. **Plant Pathology Bulletin**, Taiwan, v. 16, p. 97-120, 2007.
- SOUZA, A.A.; TAKITA, M.A.; AMARAL, A.M.; COLETTA FILHO, H.D.; MACHADO, M.A. Citrus responses to *Xylella fastidiosa* infection, the causal agent de citrus variegated chlorosis. **Tree and Forestry Science and Biotechnology**, Ikenobe, v.2, n. 3, p. 957-964, 2009.
- STANGARLIN, J.R.; KUHN, O.J.; TOLEDO, M.V.; PORTZ, R.L.; SCHWAN-STRADA, K.R. F.; PASCHOLATI, S.F. A defesa vegetal contra fitopatógenos. **Scientia Agraria Paranaensis**, Cascavel, v. 10, n. 1, p. 18-46, 2011.
- STEVENSON, P.C.; PADGHAM, D.E.; HAWARE, M.P. Root exudates associated with the resistance of four chickpea cultivars (*Cicer arietinum*) to two races of Fusarium oxysporum f.sp. ciceri. **Plant Pathology**, Oxford, v. 44, p. 686-694, 1995.
- STOVER, R.H. **Banana Plantain and Abaca Diseases.** Commonwealth: Mycological Institute, 1972. 316p.

STOVER, R. H. Fusarium wilt of banana: some history and current status of the disease. In: PLOETZ, R.C. **Fusarium wilt of banana**, Minnesota, USA: APS Press, 1993. v.2, p.1-7.

TANG, F.; BARBACIORU, C.; WANG, Y.; NORDMAN, E.; LEE, C.; XU, N.; WANG, X.; BODEAU, J.; TUCH, B.B.; SIDDIQUI, A.; LAO, K.; SURANI, M. A. mRNA-Seq whole-transcriptome analysis of a single cell. **Nature Methods**, London, v. 6, p. 377-382, 2009.

USADEL, B.; POREE, F.; NAGEL, A.; LOHSE, M.; CZEDIK-EYSENBERG, A. STITT, M. A guide to using MapMan to visualize and compare Omics data in plants: a case study in the crop species, Maize. **Plant Cell & Environment**, New York, v. 32, p. 1211-1229, 2009.

VAN DEN BERG, N.; BERGER, D.K.; HEIN, I.; BIRCH, P.R.J.; WINGFIELD, M.J.; VOLJOEN, A. Tolerance in banana to Fusarium wilt is associated with early up-regulated of cell wall-strengthening genes in the roots. **Molecular Plant Pathology**, Oxford, v.8, p. 333-341, 2007.

VANDERMOLEN, G.E.; BECKMAN, C.H.; RODEHORST, E. The ultrastructure of tylose formation in resistant banana following inoculation with *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense*. **Physiological and Molecular Plant Pathology**, London, v. 31, p. 185-200, 1987.

VILJOEN, A. The status of *Fusarium* wilt (Panama disease) of banana in South Africa. **South African Journal of Science**, Lynnwood Ridge, v. 98, n. 7-8, p. 341-344, 2002.

WANG, Z.; GERSTEIN, M.; SNYDE, M. RNA-seq: A revolutionary tool for transcriptomics. **Nature**, London, v.10, p.57-63, 2009.

WANG, Z.; ZHANG, J.; JIA, C.; LIU, J.; LI, Y.; YIN, X.; XU, B.; JIN, Z. De Novo characterization of the banana root transcriptome and analysis of gene expression under *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* tropical race 4 infection. **BMC Genomics**, London, v. 13, p. 650, 2012.

WARDLAW, C.W. **Banana diseases including plantain and abaca**. 2 ed. London: Longman, 1972. p. 878.

XU, W.; PURUGGANAN, M.M.; POLISENSKY, D.H.; ANTOSIEWICZ, D.M.; FRY, S.C.; BRAAMAY, J. Arabidopsis *TCH4*, regulated by hormones and the environment, encodes a xyloglucan endotransglycosylase. **The Plant Cell**, Rockville, v. 7, p. 1555 – 1567, 1995.

ZHANG, J.; ZHOU, J.M. Plant Immunity Triggered by Microbial Molecular Signatures. **Molecular Plant**, Oxford, v.3, n.5, p.783-793, 2010.

ZHOU, D.; XIN, Z.; YI, L.; ZHENHAI, Z.; ZHEN, S.U. agriGO: a GO analysis toolkit for the agricultural community. **Nucleic Acids Research**, London, v. 38, p. 64-70, 2010.

APÊNDICE

**Apêndice A – Iniciadores utilizados para avaliação da expressão gênica na interação *Musa* spp.-
Fusarium oxysporum f. sp. *cubense***

ID	Gene	Descrição	Sequência (5'-3')	Amplicon (pb)	Eficiência	Ta*
GSMUA_Achr5T 15720_001	<i>CESA7</i>	<i>Cellulose synthase A catalytic subunit 7</i>	F: GAGAATGGAGAACGGGTGCA R: CCCCTCCATGTCTCTCTCCA	108	0,90	66
GSMUA_AchrUn _randomT16840_001	<i>PER64</i>	<i>Peroxidase 64</i>	F: GTTGCTCACTGCTCCTCCT R: TGGCTGATCCTGCGTTCTTT	146	0,95	64
GSMUA_Achr1T 03800_001	<i>GSTU6</i>	<i>Putative Probable glutathione S-transferase</i>	F: GGCTACTTGGACATCGCACT R: GATGTAECTCCTCGCGTCTG	174	1,20	66
GSMUA_Achr2T 13210_001	<i>PRMS</i>	<i>Pathogenesis-related protein 1C</i>	F: CTACACAAACAGCGCATCG R: CTTCTCGTCGACCAGCTTT	130	0,92	65
GSMUA_Achr2T 13240_001	<i>PRMS</i>	<i>Pathogenesis-related protein 1C</i>	F: GGGAGAACATCTCTGGGGC R: GTACTGCTTCTCGTCGACCC	80	1,00	64
GSMUA_Achr4T 23110_001	<i>PRMS</i>	<i>Putative Pathogenesis-related protein PRB1-3</i>	F: GCTTTGGCTATGCTCTCGC R: CCCCAGAAAGATGTTCTCGCC	140	1,09	64
GSMUA_Achr8T 15700_001	<i>PI206</i>	<i>Putative Disease resistance response protein 206</i>	F: AGTACAACGGGAGCAGCTTC R: GATGAGCCTGCTGATGGTGT	128	0,83	64
GSMUA_Achr4T 26810_001	<i>TPRP-F1</i>	<i>14 kDa proline-rich protein DC2.15</i>	F: CTGCCCTTCCCTGCTCTC R: GCATTGCCATGGAAAGAGC	110	1,00	64
GSMUA_Achr1T 27310_001	<i>OS05G05 67100</i>	<i>Aspartic proteinase oryzasin-1</i>	F: CCTTCTCCCCACATTGCCTT R: CAGTGGTCGGGAATCCAAA	161	0,90	66
GSMUA_Achr3T 20450_001	<i>WRKY50</i>	<i>Superfamily of TFs having WRKY and zinc finger domains</i>	F: GGGTTGCTCGGTGAAGAAGA R: TGTGGTTGTGGATCCCTTCG	86	1,07	65
GSMUA_Achr8T 02300_001	<i>OS01G08 56500</i>	<i>Auxin transporter-like protein 1</i>	F: GGTTCAGCTGCTCCTCCAAT R: AGAACAGCTGCAGGATCACC	102	1,01	62
GSMUA_Achr11 T00590_001	<i>PIP2-3</i>	<i>Aquaporin PIP2-3</i>	F: CTTCGTCCTCGTCTACACCG R: TCGCCAAGTGGACCATGAAA	122	1,03	64
GSMUA_Achr9T 28860_001	<i>UBC10</i>	<i>Ubiquitin-conjugating enzyme E2-17 kDa</i>	F: GGGTCCCCCAGATAGTCCTT R: GGTAAATGCAGGGCTCCACT	181	0,73	64
HQ853238.1**		<i>Actina2</i>	F: CTTAGCACTTCCAGCAGATG R: ACACCAAAAAACTACCCCGAC	137	0,87	64

*Temperatura de anelamento do iniciador;

**Gene de referência.

ANEXOS

Anexo A - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) compartilhados entre os três genótipos, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

GeneID	Cromos.	Maçã'			Prata-anã'			'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change	C	I	\log_2 Fold Change	C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr1T27310_001	chr1	382,74	91,19	-2,07	44,44	652,91	3,88	281,77	61,84	-2,19	Aspartic proteinase oryzasin-1	OS05G0567100
GSMUA_Achr2T13210_001	chr2	317,81	1049,53	1,72	305,52	1154,11	1,92	402,17	2041,85	2,34	Pathogenesis-related protein 1C	PRMS
GSMUA_Achr2T13220_001	chr2	461,34	2251,05	2,29	595,48	1877,46	1,66	715,06	2960,22	2,05	Pathogenesis-related protein 1C	PRMS
GSMUA_Achr2T13240_001	chr2	457,92	1718,26	1,91	479,94	1694,59	1,82	782,23	2566,49	1,71	Pathogenesis-related protein 1C	PRMS

Anexo B - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) compartilhados entre as cultivares ‘Maçã’ e ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

GeneID	Cromos.	'Maçã'			'Prata-anã'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change	C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr3T13560_001	chr3	1,71	33,77	4,30	703,25	119,20	-2,56	Expressed protein	SPCC320.09
GSMUA_Achr6T34080_001	chr6	12,81	124,12	3,28	26,66	123,27	2,21	Laccase-17	LAC17
GSMUA_Achr1T13060_001	chr1	43,57	227,98	2,39	22,22	142,23	2,68	Leaf senescence related protein, putative	C7ORF58
GSMUA_Achr6T30740_001	chr6	64,07	312,41	2,29	101,10	457,85	2,18	Putative cytochrome p450 71d10	CYP71D10
GSMUA_Achr5T12830_001	chr5	55,53	266,82	2,26	1647,57	510,68	-1,69	Putative naringenin,2-oxoglutarate 3-dioxygenase	FHT
GSMUA_Achr4T06590_001	chr4	107,65	363,07	1,75	11,11	88,05	2,99	Vacuolar cation/proton exchanger 1a	CAX1A
GSMUA_Achr5T15720_001	chr5	199,91	647,62	1,70	48,88	468,69	3,26	Cellulose synthase a catalytic subunit 7 [udp-forming]	CESA7
GSMUA_Achr7T18070_001	chr7	27,34	1,69	-4,02	1673,12	208,61	-3,00	Gibberellin-regulated protein 4	GASA4
GSMUA_Achr1T17850_001	chr1	10,25	0,00	-Inf	299,96	29,80	-3,33	Putative probable inactive receptor kinase at5g67200	AT5G67200
GSMUA_Achr5T19860_001	chr5	8,54	0,00	-Inf	205,53	35,22	-2,54	Cpuorf23 - conserved peptide uorf-containing transcript	OTSB

Anexo C - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) compartilhados entre as cultivares ‘Maçã’ e ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

GeneID	Cromos.	'Maçã'			'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change	C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr4T23110_001	chr4	97,39	1291,02	3,73	4,10	567,93	7,12	Putative Pathogenesis-related protein PRB1-3	PRMS
GSMUA_Achr4T23100_001	chr4	164,03	1820,43	3,47	17,20	920,43	5,74	Pathogenesis-related protein 1B	PRMS
GSMUA_Achr9T30630_001	chr9	7,69	73,46	3,26	23,75	144,30	2,60	Putative Cytochrome P450	CYP71D8
GSMUA_Achr9T30620_001	chr9	15,38	138,47	3,17	40,95	213,36	2,38	Putative germin-like protein 8-1	OS08G0188900
GSMUA_Achr11T23830_001	chr11	11,96	97,95	3,03	25,39	132,96	2,39	Putative Flavonol synthase/flavanone 3-hydroxylase	FLS
GSMUA_Achr10T01250_001	chr10	867,14	7012,37	3,02	139,24	3761,09	4,76	Lichenase	GN1
GSMUA_Achr7T16510_001	chr7	771,46	5848,00	2,92	548,79	3122,04	2,51	Pathogenesis-related protein R major form	TLP
GSMUA_Achr8T27900_001	chr8	62,37	411,20	2,72	56,52	286,54	2,34	Putative Acidic endochitinase SE2	SE2
GSMUA_Achr9T30640_001	chr9	287,91	1760,48	2,61	656,09	3859,00	2,56	Germin-like protein 12-1	OS12G0154700
GSMUA_Achr6T31470_001	chr6	976,50	5671,53	2,54	155,63	4636,17	4,90	Thaumatin-like protein	TLP
GSMUA_Achr1T23250_001	chr1	86,29	461,02	2,42	86,82	499,90	2,53	Hevein-like protein	HEL
GSMUA_Achr8T27910_001	chr8	249,46	1158,46	2,22	122,04	854,46	2,81	Putative Acidic endochitinase	SE2
GSMUA_Achr8T32610_001	chr8	39,30	167,18	2,09	14,74	88,64	2,59	Putative Cytochrome P450	CYP71A2
GSMUA_Achr8T27880_001	chr8	70,91	282,86	2,00	58,97	323,65	2,46	Putative Acidic endochitinase	SE2
GSMUA_Achr1T03800_001	chr1	503,20	1548,55	1,62	564,35	2519,07	2,16	Putative Probable glutathione S-transferase	GSTU6
GSMUA_Achr6T22780_001	chr6	163,18	37,15	-2,13	26,21	800,87	4,93	Maturase K	MATK
GSMUA_Achr11T23660_001	chr11	541,64	103,86	-2,38	1089,38	52,57	-4,37	Expansin-A2	EXPA2
GSMUA_AchrUn_randomT09050_001	chrUn_random	71,76	10,98	-2,71	1,64	44,32	4,76	Putative Ribosomal protein S2, mitochondrial	RPS2
GSMUA_Achr1T25450_001	chr1	1279,78	170,56	-2,91	972,25	272,11	-1,84	Putative Nitrate transporter	CRNA
GSMUA_Achr10T01240_001	chr10	3,42	49,82	3,87	0,00	30,92	Inf	Acyl carrier protein, mitochondrial	AT2G44620
GSMUA_Achr6T31500_001	chr6	16,23	177,31	3,45	0,00	65,97	Inf	Putative Pathogenesis-related protein R major form	TLP

Anexo D - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) compartilhados entre as cultivares ‘Prata-anã’ e ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continua)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change	C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr9T28620_001	chr9	2,22	678,65	8,25	202,31	18,55	-3,45	Putative cucumisin	XSP1
GSMUA_Achr6T05340_001	chr6	22,22	814,11	5,20	81,09	7,22	-3,49	Putative subtilisin-like protease	ARA12
GSMUA_Achr8T20530_001	chr8	11,11	257,37	4,53	39,32	364,87	3,21	Early light-induced protein, chloroplastic	DSP-22
GSMUA_Achr11T03210_001	chr11	7,78	178,81	4,52	297,33	2,06	-7,17	Putative ethylene-responsive transcription factor erf024	ERF024
GSMUA_Achr3T12230_001	chr3	2,22	48,77	4,46	9,83	65,97	2,75	Nac domain-containing protein 43	NAC043
GSMUA_Achr2T18040_001	chr2	4,44	97,53	4,46	44,23	214,39	2,28	Probable 4-coumarate--coa ligase 2	4CL2
GSMUA_AchrUn_randomT16900_001	chrUn_random	102,21	2210,69	4,43	369,41	26,80	-3,78	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr4T01460_001	chr4	43,33	858,81	4,31	357,12	64,94	-2,46	Beta-glucosidase 11	BGLU11
GSMUA_Achr8T05120_001	chr8	28,89	520,16	4,17	598,75	176,25	-1,76	Probable xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein 7	XTH7
GSMUA_Achr3T28520_001	chr3	2,22	39,28	4,14	217,06	28,86	-2,91	Carboxyl-terminal peptidase, putative, expressed	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr7T20680_001	chr7	2,22	35,22	3,99	9,83	61,84	2,65	Putative duf617 domain containing protein, expressed	RPL8
GSMUA_Achr8T00570_001	chr8	2,22	29,80	3,75	105,66	4,12	-4,68	Hypothetical protein	TIFY9
GSMUA_Achr11T09900_001	chr11	2,22	24,38	3,46	18,02	98,95	2,46	Putative bifunctional dihydroflavonol 4-reductase/flavanone 4-reductase	DFR
GSMUA_Achr7T08150_001	chr7	8,89	94,82	3,42	50,78	267,99	2,40	Hypothetical protein	RAX3
GSMUA_Achr10T08810_001	chr10	144,43	1521,20	3,40	2721,82	804,99	-1,76	Putative nitrile-specifier protein 4	NSP4
GSMUA_Achr6T19410_001	chr6	6,67	67,73	3,34	132,69	24,74	-2,42	Myb family transcription factor, putative, expressed	MYBJ
GSMUA_Achr9T27230_001	chr9	13,33	135,46	3,34	172,83	12,37	-3,80	Nudix hydrolase 21, chloroplastic	NUDT21
GSMUA_Achr5T20200_001	chr5	6,67	62,31	3,22	78,63	2,06	-5,25	Bzip family transcription factor, putative, expressed	RF2A
GSMUA_Achr3T03620_001	chr3	11,11	102,95	3,21	157,26	16,49	-3,25	Nhl25, putative, expressed	AT1G08160

Anexo D - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) compartilhados entre as cultivares ‘Prata-anã’ e ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change	C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr10T08800_001	chr10	329,96	2936,75	3,15	4001,23	811,17	-2,30	Putative salt stress-induced protein	SALT
GSMUA_AchrUn_randomT00460_001	chrUn_random	8,89	78,57	3,14	136,79	16,49	-3,05	Lob domain-containing protein 41	LBD41
GSMUA_Achr11T21630_001	chr11	26,66	234,34	3,14	326,82	1,03	-8,31	Dehydration-responsive element-binding protein 1e	DREB1E
GSMUA_Achr9T01150_001	chr9	79,99	694,90	3,12	581,55	154,61	-1,91	Gem-like protein 5	AT5G13200
GSMUA_Achr11T22530_001	chr11	4,44	37,93	3,09	26,21	197,90	2,92	Actin-depolymerizing factor 5	ADF5
GSMUA_Achr9T04960_001	chr9	6,67	54,18	3,02	16,38	117,50	2,84	Nac domain-containing protein 29	NAC029
GSMUA_AchrUn_randomT17360_001	chrUn_random	39,99	322,39	3,01	195,76	1196,66	2,61	Nac domain-containing protein 29	NAC029
GSMUA_Achr6T35440_001	chr6	11,11	86,69	2,96	281,77	26,80	-3,39	Putative vacuolar amino acid transporter 1	AVT1
GSMUA_Achr6T25380_001	chr6	33,33	254,66	2,93	212,14	26,80	-2,98	Nac domain-containing protein 2	NAC002
GSMUA_Achr10T08790_001	chr10	14,44	109,72	2,93	164,64	25,77	-2,68	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr7T23250_001	chr7	79,99	590,60	2,88	98,29	549,37	2,48	Nac domain-containing protein 48	NAC48
GSMUA_Achr9T07230_001	chr9	39,99	295,30	2,88	109,76	463,82	2,08	Oswrky72 - superfamily of tfs having wrky and zinc finger domains, expressed	WRKY75
GSMUA_Achr2T13270_001	chr2	11,11	81,28	2,87	11,47	217,48	4,25	Dc1 domain-containing protein, putative, expressed	AT1G60420
GSMUA_Achr8T19540_001	chr8	16,66	119,20	2,84	72,08	455,58	2,66	Putative expressed protein	GLGB
GSMUA_Achr3T25770_001	chr3	11,11	78,57	2,82	42,59	4,12	-3,37	Putative act domain containing protein, expressed	GLND
GSMUA_Achr6T08440_001	chr6	37,77	262,79	2,80	119,59	12,37	-3,27	Putative auxin-induced protein 5ng4	YYAM
GSMUA_Achr9T07610_001	chr9	88,88	606,86	2,77	752,74	65,97	-3,51	Putative uncharacterized wd repeat-containing protein alr2800	ALR2800
GSMUA_Achr8T22700_001	chr8	49,99	335,94	2,75	648,72	179,34	-1,85	Putative lipoxygenase 5	OS04G0447100
GSMUA_Achr3T01300_001	chr3	8,89	59,60	2,75	78,63	2,06	-5,25	Putative spore coat protein a	COTA
GSMUA_Achr3T29120_001	chr3	41,11	272,27	2,73	394,80	65,97	-2,58	Putative predicted protein	AT1G66480

Anexo D - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) compartilhados entre as cultivares ‘Prata-anã’ e ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change	C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr2T03950_001	chr2	193,31	1171,72	2,60	1441,59	175,22	-3,04	Putative peroxisomal-coenzyme a synthetase	SPCC1827.03C
GSMUA_Achr9T20550_001	chr9	773,24	4613,73	2,58	4164,23	974,03	-2,10	Putative peroxisomal-coenzyme a synthetase	SPCC1827.03C
GSMUA_Achr8T30340_001	chr8	44,44	258,73	2,54	455,41	107,19	-2,09	Abscisic stress-ripening, putative, expressed	ASR2
GSMUA_Achr3T29830_001	chr3	41,11	234,34	2,51	248,18	56,69	-2,13	Spotted leaf 11, putative, expressed	PUB4
GSMUA_Achr3T13770_001	chr3	1934,20	10334,15	2,42	6700,12	1314,16	-2,35	Peroxidase 21	PER21
GSMUA_Achr6T33990_001	chr6	35,55	189,64	2,42	55,70	208,20	1,90	Hypothetical protein	ANKRD12
GSMUA_Achr7T16000_001	chr7	99,99	532,35	2,41	591,38	48,44	-3,61	Transcription factor bhlh35	BHLH35
GSMUA_AchrUn_randomT09600_001	chrUn_random	172,20	865,58	2,33	1245,83	22,68	-5,78	Nudix hydrolase 17, mitochondrial	NUDT17
GSMUA_Achr4T19660_001	chr4	86,66	414,50	2,26	849,39	28,86	-4,88	Dehydration-responsive element-binding protein 1d	DREB1D
GSMUA_Achr10T13530_001	chr10	26,66	127,33	2,26	247,36	10,31	-4,58	Hypothetical protein	ZNF335
GSMUA_Achr10T00680_001	chr10	195,53	925,18	2,24	995,19	175,22	-2,51	Hs1, putative, expressed	KYNA
GSMUA_Achr8T19450_001	chr8	33,33	157,13	2,24	76,99	321,58	2,06	Putative chaperone protein dnaj 11, chloroplastic	ATJ11
GSMUA_Achr2T13200_001	chr2	35,55	163,91	2,20	61,43	259,74	2,08	Whole genome shotgun sequence of line pn40024, scaffold_1.assembly12x (fragment)	KN1
GSMUA_Achr7T12260_001	chr7	91,10	419,92	2,20	604,49	99,98	-2,60	Putative expressed protein	HPR-A
GSMUA_Achr9T12070_001	chr9	302,18	1373,55	2,18	2162,39	76,27	-4,83	Chitin-inducible gibberellin-responsive protein 1	CIGR1
GSMUA_Achr7T18930_001	chr7	35,55	159,84	2,17	375,96	8,25	-5,51	Ap2 domain containing protein, expressed	RAP2-3
GSMUA_Achr2T09920_001	chr2	97,77	433,47	2,15	713,42	53,60	-3,73	Putative multidrug and toxin extrusion protein 1	SLC47A1
GSMUA_Achr2T17260_001	chr2	172,20	747,73	2,12	597,93	163,88	-1,87	Putative probable lrr receptor-like serine/threonine-protein kinase at2g16250	AT2G16250

Anexo D - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) compartilhados entre as cultivares ‘Prata-anã’ e ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change	C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr6T00850_001	chr6	179,98	780,24	2,12	1632,44	44,32	-5,20	Hypothetical protein	HARBI1
GSMUA_Achr1T20910_001	chr1	153,31	628,53	2,04	674,93	186,56	-1,86	Putative expressed protein	RPH3A
GSMUA_Achr9T19860_001	chr9	147,76	600,08	2,02	596,29	139,15	-2,10	Zinc finger a20 and an1 domain-containing stress-associated protein 1	SAP1
GSMUA_Achr11T17890_001	chr11	221,08	896,74	2,02	1410,47	400,95	-1,81	Probable xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein 30	XTH30
GSMUA_Achr7T02130_001	chr7	44,44	178,81	2,01	282,58	1018,35	1,85	S-adenosylmethionine synthase	SAMS
GSMUA_Achr2T16660_001	chr2	116,65	455,14	1,96	396,44	28,86	-3,78	Putative heat shock factor protein hsf30	HSF30
GSMUA_Achr11T10400_001	chr11	102,21	390,12	1,93	534,04	116,47	-2,20	Nhl25, putative, expressed	AT1G08160
GSMUA_Achr7T22100_001	chr7	439,94	1649,89	1,91	3194,43	658,63	-2,28	Expansin-a2	EXPA2
GSMUA_AchrUn_randomT24820_001	chrUn_random	106,65	398,25	1,90	579,91	30,92	-4,23	Putative probable wrky transcription factor 41	WRKY41
GSMUA_Achr2T14680_001	chr2	482,16	1793,47	1,90	824,82	150,48	-2,45	Putative auxin-induced protein 5ng4	AF_0510
GSMUA_AchrUn_randomT06310_001	chrUn_random	559,93	2058,97	1,88	4430,44	353,54	-3,65	Expansin-b17	EXPB17
GSMUA_Achr6T14500_001	chr6	285,52	1043,03	1,87	426,74	109,26	-1,97	Putative epidermis-specific secreted glycoprotein ep1	EP1
GSMUA_Achr6T04860_001	chr6	165,53	601,44	1,86	1046,79	56,69	-4,21	Hypothetical protein	HARBI1
GSMUA_Achr4T25290_001	chr4	468,83	1674,27	1,84	3918,51	51,54	-6,25	Probable xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein 32	XTH32
GSMUA_Achr4T31480_001	chr4	83,32	295,30	1,83	472,61	14,43	-5,03	Putative protein tify 5a	TIFY5A
GSMUA_Achr6T21640_001	chr6	126,65	445,66	1,82	738,82	111,32	-2,73	Calcium-binding ef hand family protein, putative, expressed	VCX1
GSMUA_AchrUn_randomT26960_001	chrUn_random	142,20	493,07	1,79	742,09	14,43	-5,68	1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase	MAO1B
GSMUA_Achr1T27910_001	chr1	179,98	617,69	1,78	1161,46	51,54	-4,49	Putative probable calcium-binding protein cml31	CML31
GSMUA_Achr8T26280_001	chr8	119,98	407,73	1,76	637,25	144,30	-2,14	Putative transcription factor bhlh3	BHLH3

Anexo D - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) compartilhados entre as cultivares ‘Prata-anã’ e ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change	C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr7T12680_001	chr7	417,73	1415,54	1,76	1324,46	294,79	-2,17	Phosphate-induced protein 1 conserved region domain containing protein, expressed	CCDC45
GSMUA_Achr8T14210_001	chr8	356,62	1197,46	1,75	1489,92	284,48	-2,39	4-coumarate--coa ligase-like 1	4CLL1
GSMUA_Achr7T11700_001	chr7	307,74	1021,36	1,73	1640,63	299,94	-2,45	Uncharacterized glycosyl hydrolase rv2006/mt2062, putative, expressed	OTSB
GSMUA_Achr5T05940_001	chr5	155,54	513,39	1,72	736,36	26,80	-4,78	Nudix hydrolase 17, mitochondrial	NUDT17
GSMUA_Achr4T18830_001	chr4	139,98	460,56	1,72	550,43	74,21	-2,89	Putative uncharacterized protein	DESCONHECIDO
GSMUA_AchrUn_randomT24330_001	chrUn_random	229,97	750,44	1,71	626,60	122,66	-2,35	Putative uncharacterized protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr9T18920_001	chr9	366,62	1192,04	1,70	3127,27	865,80	-1,85	Probable xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein 32	XTH32
GSMUA_Achr9T21690_001	chr9	113,32	368,45	1,70	588,10	155,64	-1,92	Putative expressed protein	AT1G66480
GSMUA_Achr5T28050_001	chr5	135,54	437,53	1,69	413,64	44,32	-3,22	Hypothetical protein	DREB2A
GSMUA_Achr3T16870_001	chr3	291,07	930,60	1,68	1487,46	216,45	-2,78	Calmodulin-like protein 5	CML5
GSMUA_AchrUn_randomT22830_001	chrUn_random	227,75	726,06	1,67	998,47	261,80	-1,93	Putative uncharacterized protein at1g66480	AT1G66480
GSMUA_Achr7T05900_001	chr7	215,53	680,00	1,66	1064,81	65,97	-4,01	Putative dehydration-responsive element-binding protein 1d	DREB1D
GSMUA_Achr7T25400_001	chr7	308,85	953,63	1,63	1126,24	317,46	-1,83	Putative oswrky11 - superfamily of tfs having wrky and zinc finger domains, expressed	WRKY28
GSMUA_Achr2T01110_001	chr2	291,07	853,39	1,55	944,41	219,54	-2,10	Putative uncharacterized protein	PURA
GSMUA_Achr5T07480_001	chr5	616,59	1807,02	1,55	2346,68	243,25	-3,27	Expansin-a2	EXPA2
GSMUA_Achr11T23870_001	chr11	1077,64	344,07	-1,65	778,95	166,98	-2,22	Ap2 domain containing protein, expressed	AP2
GSMUA_Achr11T21880_001	chr11	1675,35	528,29	-1,67	1657,83	525,67	-1,66	Beta-fructofuranosidase 1	MAVIN1
GSMUA_Achr9T09480_001	chr9	688,80	197,77	-1,80	303,88	74,21	-2,03	Putative expressed protein	MP

Anexo D - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) compartilhados entre as cultivares ‘Prata-anã’ e ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(conclusão)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change	C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr3T11240_001	chr3	976,54	279,05	-1,81	627,42	186,56	-1,75	Putative protein iq-domain 32	IQD32
GSMUA_Achr6T18590_001	chr6	2077,52	570,28	-1,87	1167,20	311,28	-1,91	Alcohol dehydrogenase 3	ADH3
GSMUA_Achr7T02620_001	chr7	5484,87	1120,24	-2,29	864,95	2674,71	1,63	Hypothetical protein	XTHB
GSMUA_Achr1T28340_001	chr1	473,27	86,69	-2,45	119,59	416,41	1,80	Expressed protein	CASD1
GSMUA_Achr6T04470_001	chr6	82,21	10,84	-2,92	381,69	23,71	-4,01	Oxidoreductase, putative, expressed	P4HA1
GSMUA_Achr1T03200_001	chr1	1035,43	108,37	-3,26	209,69	643,17	1,62	Putative anthocyanin 5-aromatic acyltransferase	ACT
GSMUA_Achr4T26810_001	chr4	7270,20	750,44	-3,28	481,62	2573,70	2,42	14 kda proline-rich protein dc2.15	TPRP-F1
GSMUA_AchrUn_randomT27080_001	chrUn_random	980,99	81,28	-3,59	203,95	629,77	1,63	Putative anthocyanin 5-aromatic acyltransferase	ACT
GSMUA_Achr5T20850_001	chr5	85,54	6,77	-3,66	4,10	42,26	3,37	14 kda proline-rich protein dc2.15	TPRP-F1
GSMUA_Achr6T21950_001	chr6	11,11	81,28	2,87	45,05	0,00	-Inf	Gibberellin 2-beta-dioxygenase 8	GA2OX7
GSMUA_Achr5T07610_001	chr5	2,22	24,38	3,46	0,00	13,40	Inf	Putative uncharacterized protein	OS03G0326500
GSMUA_Achr10T15510_001	chr10	4,44	51,47	3,53	119,59	0,00	-Inf	Ap2/erf domain-containing transcription factor	DREB1F
GSMUA_Achr7T15050_001	chr7	8,89	162,55	4,19	16,38	0,00	-Inf	Zinc transporter 1	ZIP1
GSMUA_Achr11T21620_001	chr11	0,00	32,51	Inf	35,22	1,03	-5,09	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr5T09400_001	chr5	0,00	18,96	Inf	674,93	43,29	-3,96	Rd22-c	BURP3
GSMUA_AchrUn_randomT26090_001	chrUn_random	0,00	10,84	Inf	49,15	4,12	-3,58	Pectinesterase 2	PECS-2.1
GSMUA_AchrUn_randomT04750_001	chrUn_random	0,00	13,55	Inf	15,56	84,52	2,44	Expansin-like b1	EXLB1
GSMUA_Achr8T09700_001	chr8	0,00	10,84	Inf	3,28	80,40	4,62	Lob domain-containing protein 1	LBD1
GSMUA_Achr3T20300_001	chr3	0,00	10,84	Inf	0,00	28,86	Inf	Hypothetical protein	ARG7
GSMUA_Achr6T23360_001	chr6	0,00	20,32	Inf	0,00	27,83	Inf	Hypothetical protein	DESCONHECIDO

Anexo E - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Maçã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continua)

GeneID	Cromos.	'Maçã'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_AchrUn_randomT17680_001	chrUn_random	13,67	242,33	4,15	Putative mannose/glucose-specific lectin (fragment)	NSP4
GSMUA_Achr7T11650_001	chr7	5,13	74,30	3,86	Ll-diaminopimelate aminotransferase, chloroplastic	DAP
GSMUA_AchrUn_randomT17670_001	chrUn_random	3,42	45,60	3,74	Putative mannose/glucose-specific lectin (fragment)	NSP4
GSMUA_AchrUn_randomT16940_001	chrUn_random	5,13	65,02	3,66	Putative auxin-induced protein 5ng4	RPOB
GSMUA_Achr3T20450_001	chr3	3,42	37,15	3,44	Oswrky7 - superfamily of tfs having wrky and zinc finger domains	WRKY50
GSMUA_AchrUn_randomT23790_001	chrUn_random	6,83	74,30	3,44	Putative naringenin,2-oxoglutarate 3-dioxygenase	FHT
GSMUA_Achr3T04040_001	chr3	7,69	81,06	3,40	Putative aspartic proteinase nepenthesin-2	NEP2
GSMUA_AchrUn_randomT22920_001	chrUn_random	5,13	50,66	3,30	Putative auxin-induced protein 5ng4	YOAV
GSMUA_Achr8T18900_001	chr8	5,13	44,75	3,13	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_AchrUn_randomT16840_001	chrUn_random	16,23	87,81	2,44	Peroxidase 64	PER64
GSMUA_Achr4T15090_001	chr4	20,50	106,39	2,38	Expressed protein	MLH1
GSMUA_Achr3T04020_001	chr3	277,66	1377,14	2,31	Putative aspartic proteinase nepenthesin-2	NEP2
GSMUA_Achr6T34030_001	chr6	64,93	315,79	2,28	Tropinone reductase homolog	TR1
GSMUA_Achr4T09290_001	chr4	34,17	150,30	2,14	Hypothetical protein	RCL
GSMUA_Achr4T22080_001	chr4	106,79	411,20	1,95	Glycosyltransferase family 43 protein, putative, expressed	B3GAT2
GSMUA_Achr4T13610_001	chr4	80,31	306,50	1,93	Inhibitor of trypsin and hageman factor	PI1
GSMUA_AchrUn_randomT22810_001	chrUn_random	81,16	309,03	1,93	Whole genome shotgun sequence of line pn40024, scaffold_7.assembly12x (fragment)	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr1T08050_001	chr1	135,84	507,46	1,90	Abc transporter g family member 39	ABCG39
GSMUA_Achr1T23190_001	chr1	64,93	241,49	1,90	Putative protein plastid movement impaired 2	PMI2
GSMUA_Achr1T12660_001	chr1	396,41	1299,46	1,71	Phosphoethanolamine n-methyltransferase	PEAMT
GSMUA_Achr10T22730_001	chr10	28951,45	20475,61	-0,50	Metallothionein, putative, expressed	MT1
GSMUA_AchrUn_randomT18170_001	chrUn_random	304,99	86,97	-1,81	Peroxidase 47	PER47
GSMUA_Achr10T01410_001	chr10	635,62	161,27	-1,98	Putative auxin-induced protein 5ng4	AF_0266

Anexo E - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Maçã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Maçã'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr11T19920_001	chr11	205,89	45,60	-2,17	Protein larp-one-related 8	AT2G38640
GSMUA_Achr9T28370_001	chr9	215,29	42,22	-2,35	Myb-related protein mybas2	MYBAS2
GSMUA_Achr5T16920_001	chr5	45,28	5,91	-2,94	Putative peptide transporter ptr5	PTR5
GSMUA_Achr1T10680_001	chr1	47,84	5,07	-3,24	Hypothetical protein	BCI_0033
GSMUA_Achr8T10530_001	chr8	49,55	5,07	-3,29	Calvin cycle protein cp12	CP12
GSMUA_Achr11T19780_001	chr11	35,03	2,53	-3,79	Expansin-a2	EXPA2
GSMUA_Achr4T14630_001	chr4	35,88	1,69	-4,41	E2f-related protein, putative, expressed	CCDC109A
GSMUA_Achr10T01530_001	chr10	0,00	13,51	Inf	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr11T19540_001	chr11	0,00	13,51	Inf	Mads-box transcription factor 8	MADS8
GSMUA_Achr2T13230_001	chr2	0,00	12,67	Inf	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr3T22240_001	chr3	0,00	17,73	Inf	Amidophosphoribosyltransferase, chloroplastic (fragment)	PUR1
GSMUA_Achr3T30730_001	chr3	0,00	11,82	Inf	Ternary complex factor mip1, putative, expressed	HISZ
GSMUA_Achr4T16810_001	chr4	0,00	20,26	Inf	Hypothetical protein	COL5
GSMUA_Achr4T20390_001	chr4	0,00	11,82	Inf	Putative expressed protein	TEX2
GSMUA_Achr5T17400_001	chr5	0,00	15,20	Inf	Expressed protein	RF2A
GSMUA_Achr5T19110_001	chr5	0,00	18,58	Inf	Cyclin-b2-2	CYCB2-2
GSMUA_Achr6T04140_001	chr6	0,00	11,82	Inf	Uncharacterized membrane protein at4g09580	AT4G09580
GSMUA_Achr6T05460_001	chr6	0,00	11,82	Inf	Calmodulin-binding protein, putative, expressed	PEPT
GSMUA_Achr6T06790_001	chr6	0,00	11,82	Inf	Adenine/guanine permease azg2	AZG2
GSMUA_Achr6T11710_001	chr6	0,00	42,22	Inf	Probable flavin-containing monooxygenase 1	FMO1
GSMUA_Achr6T19500_001	chr6	0,00	12,67	Inf	Harpin-induced protein 1 domain containing protein, expressed	AT1G08160
GSMUA_Achr6T26210_001	chr6	0,00	12,67	Inf	Putative probable Irr receptor-like serine/threonine-protein kinase at4g29180	AT4G29180
GSMUA_Achr7T07720_001	chr7	0,00	11,82	Inf	Calmodulin-like protein 8	CML8
GSMUA_Achr7T14780_001	chr7	0,00	13,51	Inf	Zinc finger protein magpie	MGP

Anexo E - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Maçã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Maçã'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr8T12160_001	chr8	0,00	13,51	Inf	Probable protein phosphatase 2c 74	OS11G0242200
GSMUA_Achr8T15130_001	chr8	0,00	103,86	Inf	Putative mannose/glucose-specific lectin	NSP4
GSMUA_Achr9T02770_001	chr9	0,00	16,89	Inf	Putative f-box protein pp2-b11	PP2B11
GSMUA_AchrUn_randomT26690_001	chrUn_random	0,00	11,82	Inf	Putative disease resistance protein at3g14460	AT3G14460
GSMUA_Achr1T01260_001	chr1	17,94	0,00	-Inf	Putative whole genome shotgun sequence of line pn40024, scaffold_61.assembly12x	ZNF454
GSMUA_Achr1T03580_001	chr1	9,40	0,00	-Inf	Putative whole genome shotgun sequence of line pn40024, scaffold_61.assembly12x (fragment)	ZNF454
GSMUA_Achr1T05320_001	chr1	8,54	0,00	-Inf	Heavy metal-associated domain containing protein, expressed	CCS1
GSMUA_Achr1T11830_001	chr1	8,54	0,00	-Inf	Hypothetical protein	RBSK
GSMUA_Achr1T16230_001	chr1	8,54	0,00	-Inf	Scarecrow-like protein 28	SCL28
GSMUA_Achr2T02270_001	chr2	9,40	0,00	-Inf	Putative auxilin-related protein 2	AT4G12770
GSMUA_Achr2T21830_001	chr2	13,67	0,00	-Inf	Hypothetical protein	SMC-4
GSMUA_Achr3T30120_001	chr3	8,54	0,00	-Inf	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr3T31720_001	chr3	10,25	0,00	-Inf	Putative gata transcription factor 9	GATA9
GSMUA_Achr4T22930_001	chr4	13,67	0,00	-Inf	Hypothetical protein	ARB_03492
GSMUA_Achr4T29980_001	chr4	13,67	0,00	-Inf	Putative microtubule-associated protein rp/eb family member 3	MAPRE3
GSMUA_Achr6T07690_001	chr6	8,54	0,00	-Inf	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr6T13700_001	chr6	11,96	0,00	-Inf	Putative transcription factor bhlh144	BHLH144
GSMUA_Achr6T20820_001	chr6	8,54	0,00	-Inf	Putative expressed protein	INFB
GSMUA_Achr6T22000_001	chr6	8,54	0,00	-Inf	Hypothetical protein	SO_2782
GSMUA_Achr7T04170_001	chr7	8,54	0,00	-Inf	Putative expressed protein	V-MYB
GSMUA_Achr7T11580_001	chr7	10,25	0,00	-Inf	Transcription factor bhlh135	BHLH135
GSMUA_Achr7T14660_001	chr7	8,54	0,00	-Inf	Hypothetical protein	HAUS8

Anexo E - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Maçã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(conclusão)

GeneID	Cromos.	'Maçã'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr7T18420_001	chr7	13,67	0,00	-Inf	1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase	ACO
GSMUA_Achr7T19050_001	chr7	8,54	0,00	-Inf	Putative serine/threonine-protein kinase-like protein at1g28390	AT1G28390
GSMUA_Achr8T24570_001	chr8	11,96	0,00	-Inf	Serine/threonine-protein phosphatase pp1 isozyme 3	TOPP3
GSMUA_Achr9T03840_001	chr9	11,96	0,00	-Inf	Protein toc75-3, chloroplastic	TOC75-3
GSMUA_Achr9T26750_001	chr9	13,67	0,00	-Inf	Hypothetical protein	COFC
GSMUA_Achr9T29620_001	chr9	11,96	0,00	-Inf	Putative abscisic acid 8'-hydroxylase 3	CYP707A3

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continua)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr10T17060_001	chr10	4,44	388,77	6,45	Lipid binding protein, putative	LIM3
GSMUA_Achr2T04270_001	chr2	2,22	159,84	6,17	Putative auxin-induced protein 5ng4	MB0641C
GSMUA_Achr8T15560_001	chr8	22,22	1487,34	6,06	Xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein 22	XTH22
GSMUA_Achr4T10050_001	chr4	2,22	146,30	6,04	Metacaspase-9	AMC9
GSMUA_Achr7T16230_001	chr7	2,22	138,17	5,96	Putative pheophorbide a oxygenase, chloroplastic	PAO
GSMUA_Achr11T20640_001	chr11	2,22	111,08	5,64	Putative uncharacterized protein	HAL9
GSMUA_Achr4T16070_001	chr4	2,22	105,66	5,57	Sucrose-phosphate synthase	SPS
GSMUA_Achr2T01500_001	chr2	6,67	315,62	5,57	Hypothetical protein	TPRP-F1
GSMUA_Achr2T20150_001	chr2	6,67	314,26	5,56	Hypothetical protein	AN1
GSMUA_Achr2T17120_001	chr2	1,11	48,77	5,46	Putative eg45-like domain containing protein	CJBAP12
GSMUA_Achr9T10310_001	chr9	2,22	97,53	5,46	Photosystem i reaction center subunit psak, chloroplastic	PSAK
GSMUA_Achr4T15370_001	chr4	2,22	93,47	5,39	Hypothetical protein	OS01G0192000
GSMUA_AchrUn_randomT00920_001	chrUn_random	24,44	835,78	5,10	Nodulin, putative, expressed	YHJX
GSMUA_Achr6T27480_001	chr6	11,11	365,74	5,04	Beta-glucosidase 6	BGLU6
GSMUA_AchrUn_randomT24920_001	chrUn_random	11,11	354,90	5,00	Putative myrcene synthase, chloroplastic	QH5
GSMUA_Achr4T08100_001	chr4	7,78	241,12	4,95	Putative myrcene synthase, chloroplastic	ISPS
GSMUA_Achr1T03860_001	chr1	2,22	66,37	4,90	Ethylene-responsive transcription factor erf025	ERF025
GSMUA_Achr10T25760_001	chr10	2,22	65,02	4,87	Hypothetical protein	PKS2
GSMUA_Achr4T12070_001	chr4	2,22	65,02	4,87	Ethylene-responsive transcription factor erf098	ERF098
GSMUA_Achr3T06220_001	chr3	15,55	445,66	4,84	Putative expressed protein	ZNF394
GSMUA_Achr4T28840_001	chr4	8,89	254,66	4,84	Beta-glucosidase 18	BGLU18
GSMUA_Achr5T24590_001	chr5	6,67	186,93	4,81	Putative calcium-binding protein cml38	CML38
GSMUA_Achr7T23130_001	chr7	2,22	62,31	4,81	Photosystem ii 22 kda protein, chloroplastic	PSBS
GSMUA_Achr8T18080_001	chr8	2,22	62,31	4,81	Putative cytokinin-o-glucosyltransferase 2	UGT85A1
GSMUA_Achr7T20650_001	chr7	2,22	59,60	4,75	Putative uncharacterized protein at3g50808	AT3G50808
GSMUA_Achr7T05080_001	chr7	3,33	86,69	4,70	Gdu1, putative, expressed	MB2320

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr8T34340_001	chr8	2,22	56,89	4,68	Myb-related protein mybas1	MYBAS1
GSMUA_Achr1T10450_001	chr1	2,22	54,18	4,61	B-box zinc finger family protein, putative, expressed	COL15
GSMUA_Achr3T06680_001	chr3	2,22	54,18	4,61	Putative e3 ubiquitin-protein ligase atl6	ATL6
GSMUA_Achr3T12790_001	chr3	1,11	27,09	4,61	Hypothetical protein	FMT
GSMUA_Achr6T26810_001	chr6	4,44	102,95	4,53	Cbl-interacting protein kinase 5	CIPK5
GSMUA_Achr4T24340_001	chr4	4,44	100,24	4,50	Putative protein plastid movement impaired 2	PMI2
GSMUA_Achr9T09530_001	chr9	17,78	398,25	4,49	Subtilisin-like protease	ARA12
GSMUA_Achr10T15310_001	chr10	2,22	48,77	4,46	C4-dicarboxylate transporter/malic acid transport protein domain containing protein, expressed	TEHA
GSMUA_Achr3T12610_001	chr3	1,11	24,38	4,46	Probable receptor-like protein kinase at5g47070	AT5G47070
GSMUA_Achr4T06910_001	chr4	2,22	48,77	4,46	Photosystem ii 5 kda protein, chloroplastic	PSBT
GSMUA_Achr4T23940_001	chr4	4,44	97,53	4,46	Oxygen-evolving enhancer protein 3-2, chloroplastic	PSBQ2
GSMUA_Achr5T11700_001	chr5	4,44	97,53	4,46	Putative lectin	LECRKA4.2
GSMUA_Achr9T30600_001	chr9	2,22	48,77	4,46	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr10T22440_001	chr10	15,55	338,65	4,44	Glycerol-3-phosphate acyltransferase 6	GPAT6
GSMUA_Achr6T07010_001	chr6	4,44	94,82	4,42	Membrane protein, putative, expressed	KPK_1632
GSMUA_Achr6T12020_001	chr6	2,22	47,41	4,42	Putative phenazine biosynthesis protein phzb	PHZB
GSMUA_Achr6T31180_001	chr6	2,22	47,41	4,42	9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase 1, chloroplastic	NCED1
GSMUA_Achr4T32980_001	chr4	2,22	46,06	4,37	Putative uncharacterized protein	10
GSMUA_Achr3T09750_001	chr3	7,78	154,42	4,31	Mannan endo-1,4-beta-mannosidase 6	MAN6
GSMUA_Achr10T11790_001	chr10	2,22	43,35	4,29	Tcp family transcription factor, putative, expressed	TCP20
GSMUA_Achr1T00770_001	chr1	1,11	21,67	4,29	Putative flavanone 3-dioxygenase	FHT
GSMUA_Achr4T29280_001	chr4	4,44	86,69	4,29	Photosystem i reaction center subunit iv, chloroplastic	PSAE
GSMUA_Achr5T17670_001	chr5	1,11	21,67	4,29	Zinc finger ccch domain-containing protein 4	OS01G0256800
GSMUA_Achr6T12990_001	chr6	1,11	21,67	4,29	Expressed protein	GSO2
GSMUA_AchrUn_randomT06990_001	chrUn_random	2,22	43,35	4,29	Hypothetical protein	MJ0414
GSMUA_Achr10T18220_001	chr10	5,55	107,01	4,27	Putative cytochrome p450 81d1	CYP81D1

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr10T19930_001	chr10	11,11	214,02	4,27	Ribulose bisphosphate carboxylase small chain, chloroplastic	RBCS1
GSMUA_Achr10T06490_001	chr10	8,89	170,68	4,26	Ent-kaurenoic acid oxidase 1	KAO1
GSMUA_Achr6T27490_001	chr6	4,44	83,98	4,24	Beta-glucosidase 6	BGLU6
GSMUA_Achr4T20990_001	chr4	6,67	124,62	4,22	Photosystem ii reaction center w protein, chloroplastic	PSBW
GSMUA_Achr6T08370_001	chr6	8,89	165,26	4,22	Expressed protein	PAM-B
GSMUA_Achr9T24040_001	chr9	11,11	205,90	4,21	Putative cytochrome p450 93a1	CYP93A1
GSMUA_Achr11T25460_001	chr11	2,22	40,64	4,19	Auxin-repressed protein, putative, expressed	GCVT
GSMUA_Achr4T33040_001	chr4	2,22	40,64	4,19	Chlorophyll a-b binding protein 151, chloroplastic	CAB-151
GSMUA_AchrUn_randomT20510_001	chrUn_random	2,22	40,64	4,19	Protein mother of ft and tf 1	MFT
GSMUA_Achr4T32010_001	chr4	4,44	79,92	4,17	Nac domain-containing protein 42	NAC042
GSMUA_Achr7T12510_001	chr7	22,22	398,25	4,16	Gdsl esterase/lipase at5g37690	AT5G37690
GSMUA_Achr4T00530_001	chr4	2,22	39,28	4,14	Transcription factor bhlh135	BHLH135
GSMUA_Achr5T20320_001	chr5	2,22	39,28	4,14	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_AchrUn_randomT06120_001	chrUn_random	2,22	39,28	4,14	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr11T00600_001	chr11	4,44	75,86	4,09	Duf584 domain containing protein, putative, expressed	SIK3
GSMUA_Achr5T23250_001	chr5	2,22	37,93	4,09	Whole genome shotgun sequence of line pn40024, scaffold_26.assembly12x (fragment)	PSBQ2
GSMUA_Achr6T24070_001	chr6	2,22	37,93	4,09	Putative sigma factor sigb regulation protein rsbq	RSBQ
GSMUA_Achr9T17250_001	chr9	2,22	37,93	4,09	Hypothetical protein	AT5G23170
GSMUA_Achr1T21160_001	chr1	36,66	614,98	4,07	18.5 kda class i heat shock protein	HSP18.5-C
GSMUA_AchrUn_randomT23920_001	chrUn_random	11,11	185,58	4,06	Myrcene synthase, chloroplastic	ISPS
GSMUA_Achr3T14940_001	chr3	11,11	184,22	4,05	Sulfate transporter 3.1	SULTR3.1
GSMUA_Achr8T28710_001	chr8	2,22	36,57	4,04	Photosystem ii core complex proteins psby, chloroplastic	PSBY
GSMUA_Achr10T23710_001	chr10	2,22	35,22	3,99	Gdu1, putative, expressed	MCM6
GSMUA_Achr1T21460_001	chr1	2,22	35,22	3,99	Hypothetical protein	TTLL-12

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr6T17630_001	chr6	2,22	35,22	3,99	Hypothetical protein	MYB44
GSMUA_Achr8T00200_001	chr8	8,89	139,52	3,97	Eid1-like f-box protein 3	EDL3
GSMUA_Achr8T14630_001	chr8	3,33	51,47	3,95	Putative pentatricopeptide repeat-containing protein at1g31920	PCMP-H11
GSMUA_Achr9T07600_001	chr9	4,44	67,73	3,93	Putative zinc finger a20 and an1 domain-containing stress-associated protein 1	SAP1
GSMUA_Achr2T03690_001	chr2	14,44	219,44	3,93	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr1T21880_001	chr1	21,11	319,68	3,92	Spx domain-containing protein 5	SPX5
GSMUA_Achr3T00830_001	chr3	2,22	32,51	3,87	Putative predicted protein	TPRP-F1
GSMUA_Achr7T14940_001	chr7	8,89	130,04	3,87	Putative expressed protein	ASPS
GSMUA_Achr8T30650_001	chr8	2,22	32,51	3,87	Whole genome shotgun sequence of line pn40024, scaffold_8.assembly12x (fragment)	DNAJ
GSMUA_Achr8T33160_001	chr8	4,44	65,02	3,87	Beta-glucosidase 25	BGLU25
GSMUA_Achr1T10420_001	chr1	11,11	159,84	3,85	Hypothetical protein	KIAA1797
GSMUA_Achr2T16500_001	chr2	55,55	789,72	3,83	Putative probable lrr receptor-like serine/threonine-protein kinase at1g05700	AT1G05700
GSMUA_Achr8T02420_001	chr8	12,22	173,39	3,83	Putative expressed protein	TOX
GSMUA_Achr3T08860_001	chr3	71,10	1005,10	3,82	Inactive beta-amylase 9	BAM9
GSMUA_Achr6T11160_001	chr6	3,33	46,06	3,79	Snakin-1	SN1
GSMUA_AchrUn_randomT02340_001	chrUn_random	6,67	92,11	3,79	Myb family transcription factor, putative, expressed	LHY
GSMUA_Achr7T08030_001	chr7	35,55	490,36	3,79	Upf0497 membrane protein os12g0610800	OS12G0610800
GSMUA_Achr3T03740_001	chr3	24,44	335,94	3,78	Xylem cysteine proteinase 1	XCP1
GSMUA_Achr3T15110_001	chr3	4,44	60,96	3,78	Type i inositol-1,4,5-trisphosphate 5-phosphatase 11	AT1G47510
GSMUA_Achr7T01820_001	chr7	8,89	121,91	3,78	Expressed protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr1T23730_001	chr1	2,22	29,80	3,75	Putative u-box domain-containing protein 35	PUB35
GSMUA_Achr5T09010_001	chr5	6,67	89,40	3,75	Calmodulin	CAL1
GSMUA_Achr6T09620_001	chr6	2,22	29,80	3,75	Myb-related protein 308	MYB308
GSMUA_Achr8T18370_001	chr8	2,22	29,80	3,75	Putative e3 ubiquitin protein ligase drip2	DRIP2
GSMUA_Achr9T29840_001	chr9	2,22	29,80	3,75	Hypothetical protein	FAR4

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr11T12470_001	chr11	10,00	132,75	3,73	Purple acid phosphatase 22	PAP22
GSMUA_Achr11T26480_001	chr11	15,55	203,19	3,71	Putative cytochrome p450 71a1	CYP71A1
GSMUA_Achr8T09920_001	chr8	6,67	86,69	3,70	Hypothetical protein	AT3G50400
GSMUA_Achr6T18760_001	chr6	34,44	445,66	3,69	Putative multidrug and toxin extrusion protein 1	SLC47A1
GSMUA_Achr10T03700_001	chr10	4,44	56,89	3,68	Zos3-09 - c2h2 zinc finger protein, expressed	SU(HW)
GSMUA_Achr3T05830_001	chr3	2,22	28,45	3,68	Putative auxin-repressed 12.5 kda protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr4T17120_001	chr4	4,44	56,89	3,68	Photosystem i reaction center subunit ii, chloroplastic	PSAD
GSMUA_Achr7T09380_001	chr7	4,44	56,89	3,68	Peroxidase 52	PER52
GSMUA_Achr2T13770_001	chr2	42,22	536,42	3,67	Putative remorin	AT3G61260
GSMUA_Achr3T06160_001	chr3	11,11	140,88	3,66	Putative u-box domain-containing protein 19	PUB19
GSMUA_Achr3T17030_001	chr3	13,33	167,97	3,66	Putative predicted protein	STE20
GSMUA_Achr6T31540_001	chr6	6,67	83,98	3,66	Hypothetical protein	KDM6B
GSMUA_Achr5T11240_001	chr5	11,11	139,52	3,65	Gdsl esterase/lipase at1g20120	AT1G20120
GSMUA_Achr10T09070_001	chr10	43,33	533,71	3,62	Hypothetical protein	PSAP
GSMUA_Achr10T20510_001	chr10	2,22	27,09	3,61	Putative whole genome shotgun sequence of line pn40024, scaffold_38.assembly12x (fragment)	BHLH63
GSMUA_Achr1T20650_001	chr1	2,22	27,09	3,61	Phosphate transporter pho1 homolog 1	PHO1-H1
GSMUA_Achr3T24950_001	chr3	2,22	27,09	3,61	Putative cytochrome p450 94a1	CYP94A1
GSMUA_Achr4T31000_001	chr4	2,22	27,09	3,61	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr6T12090_001	chr6	2,22	27,09	3,61	Adenine/guanine permease azg2	AZG2
GSMUA_Achr6T12670_001	chr6	13,33	162,55	3,61	Chlorophyll a-b binding protein cp26, chloroplastic	LHC B5
GSMUA_Achr6T25420_001	chr6	2,22	27,09	3,61	Myb-related protein 308	MYB308
GSMUA_Achr7T23230_001	chr7	4,44	54,18	3,61	Putative multidrug and toxin extrusion protein 1	SLC47A1
GSMUA_Achr8T17280_001	chr8	6,67	81,28	3,61	Fructose-bisphosphate aldolase, chloroplastic	OS11G0171300
GSMUA_AchrUn_randomT26640_001	chrUn_random	6,67	81,28	3,61	Myrcene synthase, chloroplastic	ISPS
GSMUA_Achr10T31470_001	chr10	39,99	482,23	3,59	Putative aspartic proteinase nepenthesin-2	NEP2
GSMUA_Achr3T03580_001	chr3	24,44	289,88	3,57	Peroxidase 52	PER52

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr1T07090_001	chr1	44,44	522,87	3,56	Hypothetical protein	ATP1A4
GSMUA_Achr1T11480_001	chr1	24,44	287,17	3,55	Probable methyltransferase pmt17	AT4G10440
GSMUA_Achr9T17880_001	chr9	58,88	684,07	3,54	Putative predicted protein	CID2
GSMUA_Achr10T03970_001	chr10	4,44	51,47	3,53	Putative inactive hydroxysteroid dehydrogenase-like protein 1	HSDL1
GSMUA_Achr11T03040_001	chr11	2,22	25,74	3,53	Putative nac domain-containing protein 7	NAC007
GSMUA_Achr11T11630_001	chr11	13,33	154,42	3,53	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr5T13970_001	chr5	8,89	102,95	3,53	Putative uncharacterized protein at3g50808	AT3G50808
GSMUA_Achr5T26860_001	chr5	6,67	77,21	3,53	Putative conserved hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr9T09880_001	chr9	3,33	37,93	3,51	Putative lectin-domain containing receptor kinase a4.3	LECRKA4.3
GSMUA_Achr2T18170_001	chr2	8,89	100,24	3,50	Putative phospholipase c 3	PLCC
GSMUA_Achr8T34150_001	chr8	15,55	174,74	3,49	Rhodanese-like domain containing protein, putative, expressed	DIN1
GSMUA_Achr11T02980_001	chr11	2,22	24,38	3,46	Putative duf623 domain containing protein, expressed	DNHD1
GSMUA_Achr1T27810_001	chr1	2,22	24,38	3,46	Transposon protein, putative, unclassified, expressed	AOX1A
GSMUA_Achr2T09520_001	chr2	2,22	24,38	3,46	Serine/threonine protein kinase, putative, expressed	DRKC
GSMUA_Achr2T11670_001	chr2	2,22	24,38	3,46	Expressed protein	SAP30
GSMUA_Achr3T01260_001	chr3	2,22	24,38	3,46	Putative expressed protein	LON
GSMUA_Achr4T05170_001	chr4	4,44	48,77	3,46	Putative two-component response regulator-like prr95	PRR95
GSMUA_Achr4T11160_001	chr4	2,22	24,38	3,46	Putative transcription factor bhlh92	BHLH92
GSMUA_Achr4T15390_001	chr4	4,44	48,77	3,46	Putative probable lrr receptor-like serine/threonine-protein kinase at1g51880	AT1G51880
GSMUA_Achr6T30170_001	chr6	4,44	48,77	3,46	Glycosyl hydrolase family 10 protein, putative, expressed	XYNC
GSMUA_Achr6T36100_001	chr6	2,22	24,38	3,46	Putative uncharacterized wd repeat-containing protein alr3466	ALR3466
GSMUA_Achr8T08310_001	chr8	2,22	24,38	3,46	Putative protein plekha9	PLEKHA9
GSMUA_Achr8T08960_001	chr8	2,22	24,38	3,46	Hypothetical protein	ENT638_4100
GSMUA_Achr9T05810_001	chr9	2,22	24,38	3,46	Hypothetical protein	ACSM2
GSMUA_Achr9T25660_001	chr9	2,22	24,38	3,46	Putative lectin-domain containing receptor kinase a4.3	LECRKA4.3
GSMUA_AchrUn_randomT20830_001	chrUn_random	2,22	24,38	3,46	Hypothetical protein	DESCONHECIDO

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr1T24790_001	chr1	6,67	71,79	3,43	Whole genome shotgun sequence of line pn40024, scaffold_50.assembly12x (fragment)	PYK1
GSMUA_Achr9T11620_001	chr9	95,54	1026,78	3,43	15.4 kda class v heat shock protein	HSP15.4
GSMUA_Achr2T09140_001	chr2	8,89	94,82	3,42	Photosystem i reaction center subunit vi, chloroplastic	PSAH
GSMUA_Achr11T07180_001	chr11	6,67	70,44	3,40	Myb-related protein zm38	MYB308
GSMUA_Achr3T03500_001	chr3	3,33	35,22	3,40	Nac domain-containing protein 76	NAC76
GSMUA_Achr11T04080_001	chr11	18,89	197,77	3,39	Remorin	AT3G61260
GSMUA_Achr2T06350_001	chr2	17,78	185,58	3,38	Chlorophyll a-b binding protein 6a, chloroplastic	CAB6A
GSMUA_Achr3T04110_001	chr3	8,89	92,11	3,37	Chlorophyll a-b binding protein 8, chloroplastic	CAB8
GSMUA_Achr4T33560_001	chr4	4,44	46,06	3,37	Probable galacturonosyltransferase 12	GAUT12
GSMUA_Achr5T17380_001	chr5	6,67	69,08	3,37	Putative auxin-induced protein 5ng4	MDN1
GSMUA_Achr8T02920_001	chr8	4,44	46,06	3,37	Putative aspartic proteinase nepenthesin-1	NEP1
GSMUA_AchrUn_randomT18720_001	chrUn_random	6,67	69,08	3,37	Hypothetical protein	DNAJ
GSMUA_Achr9T01400_001	chr9	17,78	181,51	3,35	Predicted protein	WRKY75
GSMUA_Achr1T17200_001	chr1	348,85	3559,86	3,35	Metallothionein-like protein 4a	MT4A
GSMUA_Achr10T14650_001	chr10	33,33	340,00	3,35	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr9T12280_001	chr9	15,55	157,13	3,34	Putative uncharacterized protein at3g50808	AT3G50808
GSMUA_Achr9T26150_001	chr9	5,55	55,54	3,32	Oxygen-evolving enhancer protein 2, chloroplastic	PSBP
GSMUA_Achr9T11180_001	chr9	53,33	529,64	3,31	Probable xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein 23	XTH23
GSMUA_Achr11T11620_001	chr11	24,44	242,47	3,31	Probable s-acyltransferase at3g26935	AT3G26935
GSMUA_Achr2T07920_001	chr2	35,55	352,19	3,31	Haloacid dehalogenase-like hydrolase family protein, putative, expressed	SDT1
GSMUA_Achr4T19300_001	chr4	8,89	88,05	3,31	Hypothetical protein	APL
GSMUA_Achr10T15710_001	chr10	37,77	371,16	3,30	Atpase inhibitor, putative	AT2G27730
GSMUA_Achr10T21880_001	chr10	4,44	43,35	3,29	Hypothetical protein	WRKY41
GSMUA_Achr11T17500_001	chr11	28,89	281,75	3,29	Cytochrome p450 84a1	CYP84A1
GSMUA_Achr3T22670_001	chr3	7,78	75,86	3,29	Acidic endochitinase	CHIT3

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr8T17530_001	chr8	6,67	65,02	3,29	F-box protein at1g67340	AT1G67340
GSMUA_Achr2T12320_001	chr2	11,11	105,66	3,25	Putative calcium-dependent protein kinase 19	CPK19
GSMUA_Achr3T25430_001	chr3	11,11	105,66	3,25	Chlorophyllase-2, chloroplastic	CLH2
GSMUA_Achr6T24240_001	chr6	39,99	379,28	3,25	Potassium channel akt2/3	AKT2
GSMUA_AchrUn_randomT07470_001	chrUn_random	4,44	41,99	3,24	Heat shock protein dnaj, putative, expressed	ATJ11
GSMUA_Achr5T18390_001	chr5	6,67	62,31	3,22	Putative transcription factor pif3	PIF3
GSMUA_Achr8T04660_001	chr8	35,55	331,87	3,22	Putative lysosomal beta glucosidase	GLUA
GSMUA_Achr7T17260_001	chr7	33,33	310,20	3,22	Expressed protein	DDX11L8
GSMUA_Achr4T13840_001	chr4	17,78	165,26	3,22	Putative suppressor of disruption of tflis	SDT1
GSMUA_Achr8T09930_001	chr8	26,66	246,53	3,21	Gdsl esterase/lipase at2g23540	AT2G23540
GSMUA_AchrUn_randomT12040_001	chrUn_random	7,78	71,79	3,21	Hypothetical protein	ERF008
GSMUA_Achr6T30430_001	chr6	107,76	991,56	3,20	Hypothetical protein	MACF1
GSMUA_Achr1T17220_001	chr1	4,44	40,64	3,19	Stigma/stylar cysteine-rich adhesin	SCA
GSMUA_Achr5T28550_001	chr5	4,44	40,64	3,19	Putative zos5-02 - c2h2 zinc finger protein, expressed	ZFP7
GSMUA_Achr7T24320_001	chr7	4,44	40,64	3,19	Hypothetical protein	TMEM8A
GSMUA_Achr2T16450_001	chr2	31,11	281,75	3,18	Ribulose bisphosphate carboxylase/oxygenase activase 1, chloroplastic	RCA1
GSMUA_Achr3T14300_001	chr3	85,54	772,11	3,17	Putative stem-specific protein tsjt1	TSJT1
GSMUA_Achr4T01380_001	chr4	79,99	720,64	3,17	Malate dehydrogenase, glyoxysomal	MDHG
GSMUA_Achr3T29210_001	chr3	24,44	216,73	3,15	Vacuolar cation/proton exchanger 1a	CAX1A
GSMUA_Achr8T13570_001	chr8	37,77	334,58	3,15	Putative whole genome shotgun sequence of line pn40024, scaffold_10.assembly12x (fragment)	BHLH111
GSMUA_Achr4T06600_001	chr4	4,44	39,28	3,14	Whole genome shotgun sequence of line pn40024, scaffold_7.assembly12x (fragment)	CAX1A
GSMUA_Achr4T13990_001	chr4	26,66	235,70	3,14	Polyol transporter 5	PLT5
GSMUA_Achr9T24020_001	chr9	4,44	39,28	3,14	Putative flavonoid 3'-monooxygenase	CYP75B2
GSMUA_Achr10T25740_001	chr10	15,55	136,81	3,14	Hypothetical protein	OS03G0326500
GSMUA_Achr9T03700_001	chr9	15,55	136,81	3,14	Laccase-22	LAC22
GSMUA_Achr2T15050_001	chr2	6,67	58,25	3,13	Putative probable nucleoredoxin 1-2	OS03G0405900

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr10T28900_001	chr10	30,00	261,44	3,12	Rho gdp-dissociation inhibitor 1	GDI1
GSMUA_Achr9T04770_001	chr9	38,88	337,29	3,12	Cationic peroxidase 1	PNC1
GSMUA_Achr3T15170_001	chr3	78,88	684,07	3,12	Branched-chain-amino-acid aminotransferase 3, chloroplastic	BCAT3
GSMUA_Achr11T02170_001	chr11	11,11	96,18	3,11	Probable protein phosphatase 2c 8	OS01G0656200
GSMUA_Achr9T30140_001	chr9	177,76	1538,81	3,11	Thioredoxin-like protein cxxs1	CXXS1
GSMUA_Achr3T11680_001	chr3	66,66	571,64	3,10	Xylem cysteine proteinase 1	XCP1
GSMUA_Achr8T26470_001	chr8	44,44	380,64	3,10	Probable xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein 7	XTH7
GSMUA_Achr10T13510_001	chr10	6,67	56,89	3,09	Aquaporin tip1-3	TIP1-3
GSMUA_Achr11T14460_001	chr11	4,44	37,93	3,09	Putative protein phloem protein 2-like a9	PP2A9
GSMUA_Achr2T19990_001	chr2	4,44	37,93	3,09	Probable protein phosphatase 2c 8	OS01G0656200
GSMUA_Achr3T02930_001	chr3	6,67	56,89	3,09	Expressed protein	REX
GSMUA_Achr3T18190_001	chr3	8,89	75,86	3,09	Peroxisomal membrane protein 11c	PEX11C
GSMUA_Achr4T03680_001	chr4	8,89	75,86	3,09	Myb family transcription factor, putative, expressed	ARR2
GSMUA_Achr4T32320_001	chr4	4,44	37,93	3,09	Putative expressed protein	ACU-5
GSMUA_Achr7T03200_001	chr7	4,44	37,93	3,09	Putative protein mks1	MKS1
GSMUA_Achr3T13190_001	chr3	38,88	330,52	3,09	Dna binding protein, putative	ERF010
GSMUA_Achr5T10520_001	chr5	10,00	83,98	3,07	Putative orm1-like protein 3	ORMDL3
GSMUA_Achr3T07560_001	chr3	91,10	763,99	3,07	Alpha,alpha-trehalose-phosphate synthase [udp-forming] 6	TPS6
GSMUA_Achr7T18300_001	chr7	8,89	74,50	3,07	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr10T06840_001	chr10	122,21	1017,30	3,06	Putative stem-specific protein tsjt1	TSJT1
GSMUA_Achr2T20070_001	chr2	11,11	92,11	3,05	Putative heme-binding protein 2	HEBP2
GSMUA_Achr11T01970_001	chr11	37,77	311,56	3,04	Transporter, major facilitator family, putative, expressed	CRNA
GSMUA_Achr9T22690_001	chr9	8,89	73,15	3,04	Putative zinc finger protein constans-like 2	COL2
GSMUA_Achr1T10150_001	chr1	68,88	566,22	3,04	Putative dnaj protein	ATJ8
GSMUA_Achr3T16200_001	chr3	32,22	260,08	3,01	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr6T32810_001	chr6	39,99	322,39	3,01	Putative cytosolic endo-beta-n-acetylglucosaminidase	ENGASE

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr6T36060_001	chr6	11,11	89,40	3,01	Putative uncharacterized protein	ARG2
GSMUA_Achr10T28910_001	chr10	472,16	3783,36	3,00	Hypothetical protein	COTO
GSMUA_Achr3T24300_001	chr3	7,78	62,31	3,00	Putative ocs element-binding factor 1	OBF1
GSMUA_Achr3T22000_001	chr3	22,22	177,45	3,00	Hypothetical protein	SEC16
GSMUA_Achr4T01410_001	chr4	30,00	238,41	2,99	Expressed protein	ALAS
GSMUA_Achr10T17750_001	chr10	25,55	201,83	2,98	Hypothetical protein	ADAM22
GSMUA_Achr7T08040_001	chr7	39,99	314,26	2,97	Oxygen-evolving enhancer protein 2-1, chloroplastic	PSBP1
GSMUA_Achr6T21810_001	chr6	13,33	104,30	2,97	Putative aldose 1-epimerase	GALM
GSMUA_Achr10T21380_001	chr10	11,11	86,69	2,96	Putative iq calmodulin-binding motif family protein, expressed	IQD31
GSMUA_Achr9T06390_001	chr9	11,11	86,69	2,96	Putative cbl-interacting serine/threonine-protein kinase 12	CIPK12
GSMUA_Achr11T21980_001	chr11	13,33	102,95	2,95	Protein phosphatase 2c, putative, expressed	AHG1
GSMUA_Achr4T30690_001	chr4	6,67	51,47	2,95	Spx domain-containing protein 1	SPX1
GSMUA_Achr6T07190_001	chr6	6,67	51,47	2,95	Putative 3-hydroxybenzoate 6-hydroxylase 1	XLND
GSMUA_Achr6T36230_001	chr6	6,67	51,47	2,95	Bzip transcription factor domain containing protein, expressed	GBF1
GSMUA_Achr9T10470_001	chr9	26,66	205,90	2,95	Putative abscisic-aldehyde oxidase	AAO3
GSMUA_Achr11T10250_001	chr11	37,77	291,24	2,95	Peroxidase 4	GSVIVT00023967001
GSMUA_Achr9T10210_001	chr9	31,11	238,41	2,94	Nac domain-containing protein 21/22	NAC021
GSMUA_Achr5T11570_001	chr5	48,88	373,87	2,94	Rho-gtpase-activating protein-related, putative, expressed	GA15091
GSMUA_Achr6T20100_001	chr6	155,54	1187,97	2,93	Putative uncharacterized protein c1orf14	C1ORF14
GSMUA_Achr1T13830_001	chr1	17,78	135,46	2,93	Photosystem i reaction center subunit vi, chloroplastic	PSAH
GSMUA_Achr3T08480_001	chr3	17,78	135,46	2,93	Putative 3'-n-debenzoyl-2'-deoxytaxol n-benzoyltransferase	TAX10
GSMUA_Achr6T25790_001	chr6	53,33	406,38	2,93	Putative nac domain-containing protein 29	NAC029
GSMUA_Achr9T26140_001	chr9	8,89	67,73	2,93	Nac domain-containing protein 21/22	NAC021
GSMUA_AchrUn_randomT09380_001	chrUn_random	8,89	67,73	2,93	Glycosyl transferase family 8 protein	AT1G53440
GSMUA_AchrUn_randomT25040_001	chrUn_random	52,22	396,89	2,93	Putative predicted protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr10T18670_001	chr10	15,55	117,85	2,92	Putative ap2 domain class transcription factor	EREBP1
GSMUA_Achr9T26810_001	chr9	12,22	92,11	2,91	Cyclic nucleotide-gated ion channel 2	CNGC2

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr8T25010_001	chr8	53,33	398,25	2,90	Putative protein ruptured pollen grain 1	RPG1
GSMUA_Achr6T26470_001	chr6	13,33	98,88	2,89	Putative probable lrr receptor-like serine/threonine-protein kinase at4g29180	AT4G29180
GSMUA_Achr4T29440_001	chr4	59,99	441,60	2,88	Cytochrome p450 86b1	CYP86B1
GSMUA_Achr1T18670_001	chr1	164,42	1208,29	2,88	Putative homeobox-leucine zipper protein hox6	HOX6
GSMUA_Achr6T22540_001	chr6	42,22	310,20	2,88	Putative uncharacterized protein	SKOR2
GSMUA_Achr5T23450_001	chr5	227,75	1672,92	2,88	Putative f-box/lrr-repeat protein 14	FBXL14
GSMUA_Achr10T25450_001	chr10	8,89	65,02	2,87	Putative nuclease s1	NUCS
GSMUA_Achr2T12730_001	chr2	6,67	48,77	2,87	Hypothetical protein	GATA3
GSMUA_Achr3T31860_001	chr3	13,33	97,53	2,87	Hypothetical protein	HSFC1A
GSMUA_Achr5T15800_001	chr5	21,11	154,42	2,87	Peroxidase 5	GSVIVT00037159001
GSMUA_Achr5T18270_001	chr5	16,66	121,91	2,87	Uncharacterized protein at1g28695	AT1G28695
GSMUA_Achr8T08580_001	chr8	11,11	81,28	2,87	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr8T23500_001	chr8	15,55	113,79	2,87	Chitinase-like protein 1	CTL1
GSMUA_Achr8T32780_001	chr8	6,67	48,77	2,87	Putative thaumatin-like protein	AT1G18250
GSMUA_Achr1T17140_001	chr1	24,44	177,45	2,86	Hypothetical protein	RHA2A
GSMUA_Achr9T16860_001	chr9	113,32	820,88	2,86	Protein lurp-one-related 8	AT2G38640
GSMUA_Achr1T02170_001	chr1	20,00	143,59	2,84	Expansin-like a1	EXLA1
GSMUA_Achr11T16120_001	chr11	17,78	127,33	2,84	Putative probable glycerol-3-phosphate acyltransferase 3	GPAT3
GSMUA_Achr1T13010_001	chr1	53,33	381,99	2,84	Calvin cycle protein cp12	CP12
GSMUA_Achr6T20090_001	chr6	8,89	63,67	2,84	Hypothetical protein	INFB
GSMUA_Achr6T33790_001	chr6	52,22	373,87	2,84	Cytochrome p450 86a1	CYP86A1
GSMUA_Achr5T00500_001	chr5	15,55	111,08	2,84	No apical meristem protein, putative, expressed	NAC021
GSMUA_Achr6T35690_001	chr6	7,78	55,54	2,84	Pmr5, putative, expressed	CASD1
GSMUA_Achr3T27560_001	chr3	26,66	189,64	2,83	Lsd1 zinc finger domain containing protein, expressed	AMC1
GSMUA_Achr10T26880_001	chr10	12,22	86,69	2,83	Putative zinc finger protein constans-like 16	COL16
GSMUA_Achr7T09260_001	chr7	115,54	818,17	2,82	Putative probable protein phosphatase 2c 12	OS02G0224100

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_AchrUn_randomT08000_001	chrUn_random	75,55	533,71	2,82	Putative uncharacterized acetyltransferase at3g50280	AT3G50280
GSMUA_Achr8T22810_001	chr8	151,09	1063,35	2,82	Glutamate decarboxylase 1	GAD1
GSMUA_Achr4T14220_001	chr4	13,33	93,47	2,81	Probable protein phosphatase 2c 78	OS12G0580900
GSMUA_Achr5T11710_001	chr5	8,89	62,31	2,81	Ring-h2 finger protein atl8	ATL8
GSMUA_Achr2T03070_001	chr2	11,11	73,15	2,72	Hypothetical protein	SBP2
GSMUA_Achr2T22730_001	chr2	11,11	73,15	2,72	Ribulose bisphosphate carboxylase small chain, chloroplastic	RBCS1
GSMUA_AchrUn_randomT07990_001	chrUn_random	216,64	1426,38	2,72	Snf1-related protein kinase regulatory subunit beta-1	KINB1
GSMUA_Achr6T32280_001	chr6	119,98	789,72	2,72	Thioredoxin, putative, expressed	OS03G0326500
GSMUA_AchrUn_randomT04570_001	chrUn_random	38,88	254,66	2,71	Zinc finger, c3hc4 type domain containing protein, expressed	BB
GSMUA_Achr1T23670_001	chr1	24,44	159,84	2,71	Putative sodium transporter hkt1	HKT1
GSMUA_Achr5T26710_001	chr5	1128,75	7371,67	2,71	Putative germin-like protein 2-1	OS02G0491600
GSMUA_Achr11T15890_001	chr11	13,33	86,69	2,70	Hydrophobic protein lti6b	LTI6B
GSMUA_Achr11T26380_001	chr11	31,11	201,83	2,70	Putative cytochrome p450 71a21	CYP71A21
GSMUA_Achr7T15940_001	chr7	24,44	158,49	2,70	Putative mtd1	PMP47A
GSMUA_Achr3T08110_001	chr3	35,55	230,28	2,70	Probable e3 ubiquitin-protein ligase bah1-like 1	OSI_27296
GSMUA_Achr4T32550_001	chr4	14,44	93,47	2,69	Duf260 domain containing protein, putative, expressed	LBD37
GSMUA_Achr10T29110_001	chr10	25,55	165,26	2,69	Omega-hydroxypalmitate o-feruloyl transferase	HHT1
GSMUA_Achr8T14230_001	chr8	508,83	3279,46	2,69	Transporter, major facilitator family, putative, expressed	CRNA
GSMUA_Achr9T01470_001	chr9	15,55	100,24	2,69	Chlorophyll a-b binding protein 7, chloroplastic	CAB7
GSMUA_AchrUn_randomT10920_001	chrUn_random	12,22	78,57	2,68	Dna binding protein, putative	ESC
GSMUA_Achr10T12050_001	chr10	8,89	56,89	2,68	Putative sex determination protein tasselseed-2	TS2
GSMUA_Achr2T11490_001	chr2	8,89	56,89	2,68	Uncharacterized protein at5g10860, mitochondrial	AT5G10860
GSMUA_Achr9T30450_001	chr9	56,66	361,67	2,67	Photosystem ii 10 kda polypeptide, chloroplastic	PSBR
GSMUA_Achr9T30110_001	chr9	10,00	63,67	2,67	Retrotransposon protein, putative, ty1-copia subclass	GB
GSMUA_Achr10T12630_001	chr10	11,11	70,44	2,66	Putative expressed protein	TCEA3
GSMUA_Achr1T16240_001	chr1	11,11	70,44	2,66	Putative heat stress transcription factor b-2b	HSFB2B
GSMUA_Achr2T06900_001	chr2	11,11	70,44	2,66	Magnesium-chelatase, putative, expressed	BCHH

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_AchrUn_randomT21590_001	chrUn_random	22,22	140,88	2,66	Probable sulfate transporter 3.5	SULTR3.5
GSMUA_Achr6T32320_001	chr6	95,54	605,50	2,66	Nac domain-containing protein 29	NAC029
GSMUA_Achr11T21220_001	chr11	35,55	224,86	2,66	Putative serpin-zx	AT1G47710
GSMUA_Achr9T11600_001	chr9	24,44	154,42	2,66	Probable nucleoredoxin 2	OS01G0794400
GSMUA_Achr2T03410_001	chr2	18,89	119,20	2,66	Senescence-inducible chloroplast stay-green protein 1, putative, expressed	PER42
GSMUA_Achr6T30470_001	chr6	15,55	97,53	2,65	Peroxidase 17	PER17
GSMUA_AchrUn_randomT03520_001	chrUn_random	108,88	682,71	2,65	Putative auxin-responsive protein iaa26	IAA26
GSMUA_Achr5T24900_001	chr5	11,11	69,08	2,64	Putative f-box/kelch-repeat protein at1g80440	AT1G80440
GSMUA_Achr11T13410_001	chr11	24,44	151,71	2,63	Myb family transcription factor, putative, expressed	ARR14
GSMUA_Achr1T16280_001	chr1	76,66	475,46	2,63	Putative homeobox-leucine zipper protein hox6	HOX6
GSMUA_Achr4T16600_001	chr4	31,11	192,35	2,63	Hypothetical protein	CRF4
GSMUA_Achr4T29230_001	chr4	15,55	96,18	2,63	Hypothetical protein	MYB59
GSMUA_Achr7T19900_001	chr7	24,44	150,36	2,62	Metalloendoproteinase 1	MMP20
GSMUA_AchrUn_randomT22170_001	chrUn_random	53,33	327,81	2,62	Cytochrome p450 90b1	CYP90B1
GSMUA_Achr1T04940_001	chr1	115,54	709,80	2,62	6-phosphofructokinase 3	PFK3
GSMUA_Achr11T23120_001	chr11	24,44	149,00	2,61	Eukaryotic translation initiation factor 4g	EIF4G
GSMUA_Achr1T18900_001	chr1	24,44	149,00	2,61	Putative histone h1	AT2G30620
GSMUA_Achr2T21190_001	chr2	11,11	67,73	2,61	Expressed protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr3T07210_001	chr3	15,55	94,82	2,61	Probable calcium-binding protein cml29	CML29
GSMUA_Achr4T11100_001	chr4	11,11	67,73	2,61	Putative photosystem ii 5 kda protein, chloroplastic	PSBT
GSMUA_Achr4T15700_001	chr4	17,78	108,37	2,61	Hypothetical protein	SLS
GSMUA_Achr5T16500_001	chr5	51,10	308,85	2,60	Putative outer membrane lipoprotein blc	BLC
GSMUA_AchrUn_randomT08060_001	chrUn_random	51,10	308,85	2,60	Putative sigma factor sigb regulation protein rsbq	RSBQ
GSMUA_Achr9T29830_001	chr9	39,99	241,12	2,59	Fatty acyl-coa reductase 3	FAR3
GSMUA_Achr10T14070_001	chr10	18,89	113,79	2,59	Dehydration-responsive element binding protein	DREB3
GSMUA_Achr3T31250_001	chr3	43,33	260,08	2,59	Secologanin synthase	CYP72A1

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr5T26700_001	chr5	155,54	930,60	2,58	Germin-like protein 12-1	OS12G0154700
GSMUA_Achr11T26360_001	chr11	48,88	291,24	2,57	Putative cytochrome p450 71a4	CYP71A4
GSMUA_Achr9T08070_001	chr9	17,78	105,66	2,57	Protein kinase family protein, putative, expressed	AT1G54610
GSMUA_Achr5T13540_001	chr5	14,44	85,34	2,56	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr3T31790_001	chr3	157,76	931,96	2,56	Copper ion binding protein, putative	ENODL1
GSMUA_Achr8T22470_001	chr8	184,42	1086,38	2,56	Sucrose synthase 2	SUS2
GSMUA_Achr3T31220_001	chr3	88,88	522,87	2,56	Putative secologanin synthase	CYP72A1
GSMUA_Achr10T09220_001	chr10	33,33	195,06	2,55	Whole genome shotgun sequence of line pn40024, scaffold_59.assembly12x (fragment)	CPC
GSMUA_Achr5T07290_001	chr5	11,11	65,02	2,55	Zinc finger protein, putative	DOF4.6
GSMUA_Achr8T08000_001	chr8	11,11	65,02	2,55	Hypothetical protein	ERF114
GSMUA_Achr9T21870_001	chr9	11,11	65,02	2,55	Myb family transcription factor, putative, expressed	MYBJ
GSMUA_Achr9T14320_001	chr9	31,11	181,51	2,54	Auxin-repressed protein, putative, expressed	PAKG
GSMUA_Achr1T21270_001	chr1	13,33	77,21	2,53	Putative cytochrome p450 71a1	CYP71A1
GSMUA_Achr7T06600_001	chr7	17,78	102,95	2,53	Putative protein kinase domain containing protein, expressed	AT1G51880
GSMUA_Achr2T04310_001	chr2	62,21	357,61	2,52	Predicted protein	BEL1
GSMUA_Achr8T14380_001	chr8	329,96	1896,42	2,52	Putative phosphate-induced protein 1 conserved region domain containing protein, expressed	PKD2
GSMUA_Achr11T17620_001	chr11	18,89	108,37	2,52	Putative probable wrky transcription factor 42	WRKY42
GSMUA_Achr11T25720_001	chr11	22,22	127,33	2,52	Nac domain-containing protein 21/22	NAC021
GSMUA_Achr11T08210_001	chr11	13,33	75,86	2,51	Putative zinc finger protein constans-like 5	COL5
GSMUA_Achr7T25990_001	chr7	26,66	151,71	2,51	Homeobox-leucine zipper protein hox14	HOX14
GSMUA_Achr5T18120_001	chr5	305,52	1737,94	2,51	Putative uncharacterized protein at3g50808	AT3G50808
GSMUA_Achr7T23910_001	chr7	262,19	1479,21	2,50	Hypersensitive-induced response protein 1	HIR1
GSMUA_Achr4T30990_001	chr4	17,78	100,24	2,50	Heat stress transcription factor c-2a	HSFC2A
GSMUA_Achr4T33120_001	chr4	222,19	1251,64	2,49	Putative remorin	AT3G61260
GSMUA_Achr3T04220_001	chr3	20,00	112,43	2,49	C3-btb2 - bric-a-brac, tramtrack, broad complex btb domain with c3 subfamily conserved sequence, expressed	MEL-26

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr1T26780_001	chr1	219,97	1235,38	2,49	Sulfate transporter 3.1	SULTR3.1
GSMUA_Achr3T24730_001	chr3	1013,21	5679,79	2,49	Putative expressed protein	SCRB
GSMUA_Achr4T25990_001	chr4	187,75	1049,81	2,48	Gem, putative, expressed	AT5G23370
GSMUA_Achr2T10060_001	chr2	15,55	86,69	2,48	Putative uncharacterized protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr9T17640_001	chr9	15,55	86,69	2,48	Putative protein ruptured pollen grain 1	RPG1
GSMUA_Achr1T23210_001	chr1	48,88	272,27	2,48	Hypothetical protein	ZBTB42
GSMUA_Achr10T22510_001	chr10	20,00	111,08	2,47	Putative expressed protein	ZEB1
GSMUA_Achr4T24960_001	chr4	20,00	111,08	2,47	Chitin-inducible gibberellin-responsive protein 2, putative, expressed	SCL8
GSMUA_Achr8T04140_001	chr8	384,40	2129,41	2,47	Alpha-amylase	AMY1.1
GSMUA_Achr3T02280_001	chr3	16,66	92,11	2,47	Agamous-like mads-box protein agl8 homolog	MADS18
GSMUA_Achr3T14630_001	chr3	25,55	140,88	2,46	Two-component response regulator, putative, expressed	ARR11
GSMUA_AchrUn_randomT06130_001	chrUn_random	116,65	642,07	2,46	Probable xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein 32	XTH32
GSMUA_Achr1T06990_001	chr1	56,66	311,56	2,46	Amp-binding enzyme, putative, expressed	ALKK
GSMUA_Achr3T31780_001	chr3	184,42	1013,23	2,46	Plant-specific domain tigr01615 family protein, expressed	BET3
GSMUA_Achr9T21210_001	chr9	31,11	170,68	2,46	Putative uncharacterized transporter ybr287w	YBR287W
GSMUA_Achr7T15830_001	chr7	84,43	461,91	2,45	Expressed protein	UPPS
GSMUA_Achr7T07880_001	chr7	42,22	230,28	2,45	Probable peroxisomal (s)-2-hydroxy-acid oxidase 2	AT3G14420
GSMUA_Achr3T23790_001	chr3	24,44	132,75	2,44	Putative tyrosine aminotransferase	TAT
GSMUA_Achr10T27810_001	chr10	20,00	108,37	2,44	Putative uncharacterized protein	HSFC2A
GSMUA_Achr7T01160_001	chr7	20,00	108,37	2,44	Putative transcription factor pcf6	PCF6
GSMUA_Achr5T09310_001	chr5	15,55	83,98	2,43	Hypothetical protein	IAA7
GSMUA_Achr6T33600_001	chr6	26,66	143,59	2,43	Laccase-22	LAC22
GSMUA_Achr11T18160_001	chr11	27,77	149,00	2,42	Putative potassium transporter 12	HAK12
GSMUA_Achr5T25780_001	chr5	20,00	107,01	2,42	Putative cytochrome p450 71d7	CYP71D7
GSMUA_Achr8T10810_001	chr8	23,33	124,62	2,42	Putative glycogenin-1	GYG1
GSMUA_AchrUn_randomT09980_001	chrUn_random	17,78	94,82	2,42	Putative microtubule-actin cross-linking factor 1	MACF1

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr11T04850_001	chr11	181,09	964,47	2,41	Putative peroxidase 1	PER1
GSMUA_Achr4T05250_001	chr4	1082,09	5755,64	2,41	Lignin-forming anionic peroxidase	GSVIVT00023967001
GSMUA_Achr7T12970_001	chr7	39,99	212,67	2,41	Expressed protein	TMEM53
GSMUA_Achr5T15890_001	chr5	216,64	1151,40	2,41	Auxin efflux carrier component, putative, expressed	SPAC5D6.04
GSMUA_Achr8T24680_001	chr8	49,99	265,50	2,41	No apical meristem protein, putative, expressed	NAC098
GSMUA_Achr1T22290_001	chr1	1350,94	7168,48	2,41	Glutamine synthetase nodule isozyme	GS1-2
GSMUA_Achr2T18160_001	chr2	55,55	292,59	2,40	Putative uncharacterized protein at3g50808	AT3G50808
GSMUA_Achr8T23950_001	chr8	335,51	1765,03	2,40	Alpha-l-arabinofuranosidase 1	ASD1
GSMUA_Achr11T22020_001	chr11	28,89	151,71	2,39	Putative ethylene-responsive transcription factor 1b	ERF1B
GSMUA_Achr5T15850_001	chr5	43,33	227,57	2,39	Serine carboxypeptidase-like 34	SCPL34
GSMUA_Achr5T25790_001	chr5	28,89	151,71	2,39	Putative cytochrome p450 71d8	CYP71D8
GSMUA_Achr7T10180_001	chr7	44,44	232,99	2,39	Putative expressed protein	MYOM1
GSMUA_Achr10T21350_001	chr10	36,66	191,00	2,38	Putative zinc finger cch domain-containing protein 20	AT2G19810
GSMUA_Achr4T19160_001	chr4	24,44	127,33	2,38	Hypothetical protein	TRIM3
GSMUA_Achr9T30670_001	chr9	126,65	658,33	2,38	4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase	HPD
GSMUA_Achr6T36260_001	chr6	68,88	357,61	2,38	Putative aspartic proteinase nepenthesin-2	NEP2
GSMUA_AchrUn_randomT27950_001	chrUn_random	17,78	92,11	2,37	Dsba-like thioredoxin domain containing protein, expressed	RTN1-B
GSMUA_Achr9T25470_001	chr9	163,31	843,91	2,37	Putative transmembrane protein ddb_g0273707/dbb_g0273361	DDB_G0273707
GSMUA_Achr10T31190_001	chr10	37,77	195,06	2,37	Expressed protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr9T00170_001	chr9	28,89	149,00	2,37	Udp-glucose 4-epimerase gepi48	AT4G23920
GSMUA_Achr6T05630_001	chr6	20,00	102,95	2,36	Potassium channel kat1	KAT1
GSMUA_Achr11T24950_001	chr11	25,55	131,39	2,36	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr2T18200_001	chr2	108,88	558,09	2,36	Putative two-component response regulator-like aprr2	APRR2
GSMUA_Achr5T02680_001	chr5	41,11	209,96	2,35	Probable e3 ubiquitin-protein ligase bah1-like 1	OS03G0650900
GSMUA_AchrUn_randomT11370_001	chrUn_random	333,29	1701,36	2,35	Nucleobase-ascorbate transporter 6	NAT6
GSMUA_Achr2T19840_001	chr2	404,39	2063,04	2,35	Hypothetical protein	OS01G0233000
GSMUA_Achr7T01780_001	chr7	26,66	135,46	2,34	Putative uncharacterized mfs-type transporter c19orf28	C19ORF28

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr8T33070_001	chr8	42,22	214,02	2,34	Cytochrome p450 (fragment)	CYP94A1
GSMUA_Achr1T17940_001	chr1	28,89	146,30	2,34	Zos9-17 - c2h2 zinc finger protein, expressed	MGP
GSMUA_AchrUn_randomT12130_001	chrUn_random	347,73	1758,25	2,34	Transcription factor hbp-1b(c1) (fragment)	TGA21
GSMUA_Achr7T03870_001	chr7	92,21	465,98	2,34	Expressed protein	XLND
GSMUA_Achr8T25980_001	chr8	69,99	353,55	2,34	Putative zinc finger cccch domain-containing protein 2	OS01G0192000
GSMUA_Achr1T16640_001	chr1	35,55	178,81	2,33	Phosphate-induced protein 1 conserved region domain containing protein, expressed	PIGB
GSMUA_Achr11T17810_001	chr11	74,44	373,87	2,33	Putative uncharacterized protein at3g50808	AT3G50808
GSMUA_Achr6T20420_001	chr6	1676,46	8407,93	2,33	Putative late embryogenesis abundant protein lea5-d	LEA5-D
GSMUA_Achr2T06890_001	chr2	39,99	200,48	2,33	Putative magnesium-chelatase subunit h	BCHH
GSMUA_Achr4T04790_001	chr4	22,22	111,08	2,32	Putative probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at5g61480	AT5G61480
GSMUA_Achr8T14750_001	chr8	104,43	520,16	2,32	Putative phospholipase c 3	PLCC
GSMUA_Achr6T00160_001	chr6	64,44	319,68	2,31	Remorin, putative, expressed	AT3G61260
GSMUA_Achr8T26930_001	chr8	97,77	484,94	2,31	Predicted protein	E2F5
GSMUA_Achr6T07130_001	chr6	164,42	815,46	2,31	Homeobox domain containing protein, expressed	BLH6
GSMUA_Achr5T01620_001	chr5	20,00	98,88	2,31	Ring zinc finger protein-like, putative, expressed	RNF208
GSMUA_Achr7T20190_001	chr7	39,99	197,77	2,31	C3-btb2 - bric-a-brac, tramtrack, broad complex btb domain with c3 subfamily conserved sequence, expressed	TDPOZ4
GSMUA_Achr1T10600_001	chr1	27,77	136,81	2,30	Probable protein phosphatase 2c 44	OS04G0609600
GSMUA_Achr6T05580_001	chr6	55,55	273,63	2,30	Peroxidase 52	PER52
GSMUA_Achr6T02930_001	chr6	64,44	316,97	2,30	F-box protein at5g67140	AT5G67140
GSMUA_Achr4T31500_001	chr4	22,22	108,37	2,29	F-box protein at1g30200	AT1G30200
GSMUA_Achr7T01860_001	chr7	86,66	422,63	2,29	Probable galactinol--sucrose galactosyltransferase 2	RFS2
GSMUA_Achr9T12820_001	chr9	39,99	195,06	2,29	C3-btb2 - bric-a-brac, tramtrack, broad complex btb domain with c3 subfamily conserved sequence, expressed	TDPOZ4
GSMUA_Achr9T27130_001	chr9	42,22	205,90	2,29	Putative bzip transcription factor trab1	TRAB1
GSMUA_Achr6T07720_001	chr6	187,75	912,99	2,28	Putative sigma factor sigb regulation protein rsbq	RSBQ

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr10T27850_001	chr10	164,42	796,50	2,28	Peroxidase 52	PER52
GSMUA_Achr3T16210_001	chr3	787,68	3811,81	2,27	Metallothionein-like protein type 3	MT2
GSMUA_Achr1T16200_001	chr1	53,33	257,37	2,27	Hypothetical protein	SLC47A2
GSMUA_Achr8T02670_001	chr8	51,10	246,53	2,27	Putative monoglyceride lipase	MGLL
GSMUA_Achr11T09430_001	chr11	55,55	266,85	2,26	Probable nad(p)h-dependent oxidoreductase 1	OS10G0113000
GSMUA_Achr10T25640_001	chr10	122,21	585,18	2,26	Putative patatin group a-3	PAT2-K1
GSMUA_Achr5T19880_001	chr5	57,77	276,34	2,26	Beta-fructofuranosidase 1	MAVIN2
GSMUA_Achr4T32450_001	chr4	209,97	1003,75	2,26	Putative expressed protein	STU1
GSMUA_AchrUn_randomT17070_001	chrUn_random	108,88	520,16	2,26	Glycosyl hydrolase family 5 protein, putative, expressed	ACEL_0614
GSMUA_Achr7T19680_001	chr7	52,22	249,24	2,26	No apical meristem protein, putative, expressed	NAC098
GSMUA_Achr11T11600_001	chr11	22,22	105,66	2,25	Putative expressed protein	BIRC3
GSMUA_Achr4T20400_001	chr4	44,44	211,32	2,25	Homeobox protein knotted-1-like 3	KNAT3
GSMUA_Achr4T12970_001	chr4	84,43	400,96	2,25	Probable cinnamyl alcohol dehydrogenase 2	CAD2
GSMUA_Achr5T12610_001	chr5	241,08	1144,63	2,25	Serine/threonine-protein kinase sapk3	SAPK3
GSMUA_Achr8T00610_001	chr8	59,99	284,46	2,25	Putative glycerophosphodiester phosphodiesterase gde1	GDE1
GSMUA_Achr5T25150_001	chr5	155,54	736,90	2,24	Putative expressed protein	Y-2
GSMUA_Achr11T24220_001	chr11	26,66	125,98	2,24	Laccase-22	LAC22
GSMUA_AchrUn_randomT13810_001	chrUn_random	219,97	1037,61	2,24	Transcription factor tga4	TGA4
GSMUA_Achr11T17920_001	chr11	47,77	224,86	2,23	Rcd1, putative, expressed	PARP14
GSMUA_Achr8T02870_001	chr8	54,44	256,02	2,23	Putative wall-associated receptor kinase-like 14	WAKL14
GSMUA_Achr8T21480_001	chr8	106,65	501,20	2,23	Thioredoxin-like 1-2, chloroplastic	OS03G0326500
GSMUA_Achr6T18640_001	chr6	28,89	135,46	2,23	Putative nac domain-containing protein 29	NAC029
GSMUA_Achr7T10870_001	chr7	57,77	270,92	2,23	Probable chlorophyll(ide) b reductase nyc1, chloroplastic	NYC1
GSMUA_AchrUn_randomT09240_001	chrUn_random	42,22	197,77	2,23	Phytoene synthase, chloroplastic	PSY
GSMUA_Achr11T24210_001	chr11	104,43	489,01	2,23	Putative expressed protein	GE13868
GSMUA_Achr9T28740_001	chr9	103,32	483,59	2,23	Cytochrome p450 90d2	CYP90D2
GSMUA_Achr4T13530_001	chr4	26,66	124,62	2,22	Protein binding protein, putative, expressed	MARCH11

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr7T12360_001	chr7	26,66	124,62	2,22	Plant viral response family protein, putative, expressed	TMEM45B
GSMUA_Achr11T19790_001	chr11	91,10	425,34	2,22	Whole genome shotgun sequence of line pn40024, scaffold_4.assembly12x (fragment)	WNK5
GSMUA_Achr10T11890_001	chr10	113,32	528,29	2,22	Glycerophosphoryl diester phosphodiesterase family protein, putative, expressed	GDE1
GSMUA_Achr5T24790_001	chr5	65,55	304,78	2,22	Glyoxalase family protein, putative, expressed	FOSB
GSMUA_Achr4T14150_001	chr4	86,66	400,96	2,21	Lob domain-containing protein 37	LBD37
GSMUA_Achr9T14560_001	chr9	113,32	524,23	2,21	Putative u-box domain-containing protein 19	PUB19
GSMUA_Achr7T22590_001	chr7	128,87	596,02	2,21	Putative uncharacterized protein sb03g008990	GHDC
GSMUA_Achr10T23170_001	chr10	148,87	688,13	2,21	Alpha-amino adipic semialdehyde synthase	LKR/SDH
GSMUA_Achr7T05410_001	chr7	36,66	169,32	2,21	Ethylene-responsive transcription factor erf010	ERF010
GSMUA_Achr10T27910_001	chr10	108,88	501,20	2,20	Zinc finger ccch domain-containing protein 2	OS01G0192000
GSMUA_Achr3T13370_001	chr3	37,77	173,39	2,20	Homeobox protein knotted-1, putative, expressed	KNAT3
GSMUA_Achr5T08040_001	chr5	311,07	1426,38	2,20	Putative inactive beta-amylase 9	BAM9
GSMUA_Achr11T10360_001	chr11	52,22	238,41	2,19	Major facilitator superfamily antiporter, putative, expressed	YCR023C
GSMUA_Achr6T18620_001	chr6	72,21	329,16	2,19	F-box protein skp2a	SKP2A
GSMUA_Achr6T36590_001	chr6	75,55	344,07	2,19	Phosphate transporter pho1-2	PHO1-2
GSMUA_Achr1T20450_001	chr1	33,33	151,71	2,19	Putative f-box protein at2g02240	AT2G02240
GSMUA_Achr6T35120_001	chr6	28,89	131,39	2,19	Putative predicted protein	CML30
GSMUA_Achr11T01420_001	chr11	35,55	161,20	2,18	Myb family transcription factor, putative, expressed	LHY
GSMUA_Achr8T12320_001	chr8	53,33	241,12	2,18	Putative naringenin,2-oxoglutarate 3-dioxygenase	FHT
GSMUA_Achr5T26750_001	chr5	37,77	170,68	2,18	Putative germin-like protein 2-1	OS02G0491600
GSMUA_AchrUn_randomT00010_001	chrUn_random	30,00	135,46	2,18	Hypothetical protein	MYB305
GSMUA_Achr10T22680_001	chr10	207,75	937,37	2,17	Protein kinase apk1a, chloroplastic	APK1A
GSMUA_Achr2T09300_001	chr2	33,33	150,36	2,17	Chlorophyll a-b binding protein 3c, chloroplastic	CAB3C
GSMUA_Achr7T27560_001	chr7	33,33	150,36	2,17	Putative uncharacterized protein	FARP2

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr6T02120_001	chr6	191,09	861,52	2,17	Putative phosphate-induced protein 1 conserved region domain containing protein, expressed	SEZ6
GSMUA_Achr3T03510_001	chr3	49,99	224,86	2,17	Putative transcription factor blhlh30	BHLH30
GSMUA_Achr4T02880_001	chr4	34,44	154,42	2,16	Putative secologanin synthase	CYP72A1
GSMUA_Achr1T21220_001	chr1	219,97	986,14	2,16	Transposon protein, putative, unclassified, expressed	RV2859C
GSMUA_Achr6T30550_001	chr6	75,55	338,65	2,16	Bzip transcription factor trab1	TRAB1
GSMUA_Achr11T10350_001	chr11	55,55	247,89	2,16	Cysteine proteinase inhibitor 6	CYS6
GSMUA_Achr2T21710_001	chr2	218,86	976,66	2,16	Peroxidase 59	PER59
GSMUA_Achr3T11090_001	chr3	57,77	257,37	2,16	Polygalacturonase, putative, expressed	PEHX
GSMUA_Achr5T13040_001	chr5	51,10	227,57	2,15	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr5T22500_001	chr5	194,42	865,58	2,15	Creg1 precursor, putative, expressed	CREG1
GSMUA_Achr3T07970_001	chr3	34,44	153,07	2,15	Mtd1, putative, expressed	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr8T25430_001	chr8	46,66	207,25	2,15	Phototropin-2	PHOT2
GSMUA_Achr8T19490_001	chr8	111,10	490,36	2,14	Bowman-birk type trypsin inhibitor	TI572
GSMUA_AchrUn_randomT25240_001	chrUn_random	403,28	1779,93	2,14	Putative polyneuridine-aldehyde esterase	PNAE
GSMUA_Achr4T21350_001	chr4	1770,89	7786,17	2,14	Cysteine synthase	CYS1
GSMUA_Achr9T09790_001	chr9	46,66	203,19	2,12	Myb family transcription factor, putative, expressed	RAX3
GSMUA_Achr2T08700_001	chr2	465,50	2021,04	2,12	Fad-binding and arabino-lactone oxidase domains containing protein, putative, expressed	GULO
GSMUA_Achr7T23070_001	chr7	37,77	163,91	2,12	Zinc finger, ring-type, putative, expressed	RNF141
GSMUA_Achr2T07600_001	chr2	86,66	375,22	2,11	Hypothetical protein	CNL04340
GSMUA_Achr2T18560_001	chr2	102,21	441,60	2,11	Zinc finger, ring-type, putative, expressed	RNF141
GSMUA_Achr9T28730_001	chr9	82,21	353,55	2,10	Cytochrome p450 90d2	CYP90D2
GSMUA_Achr6T32610_001	chr6	203,31	873,71	2,10	Alanine--glyoxylate aminotransferase 2 homolog 3, mitochondrial	AT3G08860
GSMUA_Achr5T27610_001	chr5	228,86	983,43	2,10	Alpha-L-arabinofuranosidase 1	ASD1
GSMUA_Achr9T00610_001	chr9	69,99	300,72	2,10	Putative expressed protein	RGS12
GSMUA_Achr4T07480_001	chr4	53,33	227,57	2,09	Predicted protein	DBP9
GSMUA_Achr6T07180_001	chr6	39,99	170,68	2,09	Putative expressed protein	OS10G0513300

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr7T06040_001	chr7	218,86	931,96	2,09	Probable phosphatidylinositol 4-kinase type 2-beta at1g26270	AT1G26270
GSMUA_Achr6T06720_001	chr6	71,10	302,07	2,09	Hypothetical protein	GALNT14
GSMUA_Achr10T13670_001	chr10	1722,01	7313,42	2,09	Osrhmbd18 - putative rhomboid homologue, expressed	RHBDF1
GSMUA_Achr2T16510_001	chr2	59,99	254,66	2,09	Putative probable lrr receptor-like serine/threonine-protein kinase at1g51860	AT1G51860
GSMUA_Achr6T16560_001	chr6	204,42	866,94	2,08	Anac083 transcription factor	NAC029
GSMUA_Achr1T13780_001	chr1	44,44	188,29	2,08	Calcineurin b-like protein 7	CBL7
GSMUA_Achr4T27720_001	chr4	63,33	268,21	2,08	Autophagy-related protein 8c	ATG8C
GSMUA_Achr1T26280_001	chr1	35,55	150,36	2,08	Protein kinase family protein, putative, expressed	GLND
GSMUA_Achr4T12910_001	chr4	41,11	173,39	2,08	Oryzain alpha chain	OS04G0650000
GSMUA_Achr6T17720_001	chr6	148,87	627,17	2,07	Nac domain-containing protein 2	NAC002
GSMUA_Achr10T21060_001	chr10	76,66	322,39	2,07	Putative type i inositol-1,4,5-trisphosphate 5-phosphatase 1	IP5P1
GSMUA_Achr9T28870_001	chr9	116,65	490,36	2,07	Hypothetical protein	UBC5B
GSMUA_Achr4T12460_001	chr4	226,64	952,28	2,07	Putative auxin-induced protein 5ng4	YYAM
GSMUA_Achr10T16940_001	chr10	89,99	377,93	2,07	Anac083 transcription factor	NAC68
GSMUA_Achr10T30500_001	chr10	59,99	251,95	2,07	Transcription factor tga1	TGA1
GSMUA_Achr1T14620_001	chr1	218,86	915,70	2,06	Protein translation factor sui1 homolog	GOS2
GSMUA_Achr6T30350_001	chr6	46,66	195,06	2,06	Uncharacterized glycosyl hydrolase rv2006/mt2062, putative, expressed	OTSB
GSMUA_Achr10T11820_001	chr10	42,22	176,10	2,06	Putative [protein-pii] uridylyltransferase	GLND
GSMUA_Achr2T15240_001	chr2	53,33	222,15	2,06	Monothiol glutaredoxin-s3	GRXS3
GSMUA_Achr5T20330_001	chr5	462,16	1922,16	2,06	Peroxidase 5	GSVIVT00037159001
GSMUA_Achr11T01900_001	chr11	84,43	350,84	2,05	Protochlorophyllide reductase b, chloroplastic	PORB
GSMUA_Achr6T35700_001	chr6	179,98	742,31	2,04	Ctp synthase 2	CTPS2
GSMUA_Achr7T18850_001	chr7	98,88	407,73	2,04	Putative aspartic proteinase nepenthesin-2	NEP2
GSMUA_Achr8T10240_001	chr8	46,66	192,35	2,04	Auxin-repressed protein, putative, expressed	TRIO
GSMUA_Achr6T03860_001	chr6	48,88	200,48	2,04	Protein kinase domain containing protein, expressed	AT1G53430

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr7T19810_001	chr7	985,43	4019,06	2,03	Sucrose synthase 1	SUS2
GSMUA_Achr5T04990_001	chr5	46,66	189,64	2,02	Expressed protein	TAPT1
GSMUA_Achr9T03420_001	chr9	95,54	387,41	2,02	Tropinone reductase homolog atlg07440	AT1G07440
GSMUA_Achr9T20200_001	chr9	126,65	512,03	2,02	Transcription factor, putative, expressed	TGA21
GSMUA_Achr7T02550_001	chr7	88,88	358,97	2,01	Putative uncharacterized protein 275 (fragment)	OPN3
GSMUA_Achr9T17070_001	chr9	46,66	188,29	2,01	Cral/trio domain containing protein, expressed	RSC5
GSMUA_Achr6T18710_001	chr6	57,77	232,99	2,01	Putative f-box protein at5g39450	AT5G39450
GSMUA_Achr6T08990_001	chr6	203,31	819,53	2,01	Chalcone synthase j	CHSJ
GSMUA_Achr11T00590_001	chr11	1504,26	6059,07	2,01	Aquaporin pip2-3	PIP2-3
GSMUA_Achr3T31610_001	chr3	44,44	178,81	2,01	Auxin-responsive protein, putative, expressed	CG8399
GSMUA_Achr4T17840_001	chr4	66,66	268,21	2,01	Beta-amylase 3, chloroplastic	BAM3
GSMUA_Achr7T26660_001	chr7	145,54	585,18	2,01	Putative ninja-family protein 5	OS03G0214200
GSMUA_Achr6T25780_001	chr6	68,88	276,34	2,00	Photosystem i reaction center subunit n, chloroplastic	PSAN
GSMUA_Achr5T05690_001	chr5	46,66	186,93	2,00	Putative abscisic acid-insensitive 5-like protein 5	ABF2
GSMUA_Achr1T01860_001	chr1	435,50	1742,00	2,00	Miraculin	ASP
GSMUA_Achr8T11150_001	chr8	72,21	288,53	2,00	Putative sugar phosphate exchanger 2	SLC37A2
GSMUA_Achr8T12910_001	chr8	113,32	452,43	2,00	Putative ring finger and chy zinc finger domain-containing protein 1	RCHY1
GSMUA_Achr1T06970_001	chr1	69,99	279,05	2,00	Hypothetical protein	ALKK
GSMUA_AchrUn_randomT19380_001	chrUn_random	102,21	406,38	1,99	Putative ethylene-responsive transcription factor 1	EREBP1
GSMUA_Achr6T25730_001	chr6	325,51	1293,63	1,99	Abscisic stress-ripening, putative, expressed	ASR1
GSMUA_Achr8T22130_001	chr8	52,22	207,25	1,99	Putative uncharacterized protein (fragment)	REV3
GSMUA_Achr10T00150_001	chr10	66,66	264,14	1,99	Homogentisate 1,2-dioxygenase	HGO
GSMUA_Achr3T22060_001	chr3	48,88	193,71	1,99	Putative cytochrome p450 71a9	CYP71A9
GSMUA_Achr3T23680_001	chr3	168,87	669,17	1,99	Vacuolar-sorting receptor 7	VSR7
GSMUA_Achr7T12740_001	chr7	257,75	1018,65	1,98	Transcription factor (fragment)	HOX4
GSMUA_Achr11T14570_001	chr11	59,99	237,05	1,98	Transcription factor, putative, expressed	TGA21
GSMUA_Achr6T32380_001	chr6	62,21	245,18	1,98	Protein lurp-one-related 8	AT2G38640

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr10T29030_001	chr10	135,54	533,71	1,98	Cbs domain-containing protein, putative, expressed	SDS23
GSMUA_Achr3T21070_001	chr3	53,33	209,96	1,98	Putative predicted protein	ZFP6
GSMUA_AchrUn_randomT14790_001	chrUn_random	77,77	306,14	1,98	Putative abhydrolase domain-containing protein 4	ABHD4
GSMUA_Achr3T32040_001	chr3	111,10	436,18	1,97	Probable protein phosphatase 2c 8	OS01G0656200
GSMUA_Achr11T26200_001	chr11	513,27	2008,85	1,97	Glucan endo-1,3-beta-glucosidase 14	AT2G27500/F10A12.18
GSMUA_AchrUn_randomT24750_001	chrUn_random	64,44	251,95	1,97	Hypothetical protein	CRYD
GSMUA_Achr3T27530_001	chr3	97,77	381,99	1,97	Putative expressed protein	RECB
GSMUA_Achr7T17110_001	chr7	198,86	776,18	1,96	Putative uncharacterized protein	MIB1
GSMUA_Achr9T29820_001	chr9	1019,87	3979,78	1,96	Hypothetical protein	ASPS
GSMUA_Achr11T16980_001	chr11	104,43	406,38	1,96	Expressed protein	ASPS
GSMUA_Achr5T09630_001	chr5	111,10	432,11	1,96	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr1T13710_001	chr1	95,54	371,16	1,96	Heat shock protein 101	HSP101
GSMUA_AchrUn_randomT04330_001	chrUn_random	238,86	926,54	1,96	Putative germin-like protein 2-1	OS02G0491600
GSMUA_Achr7T18170_001	chr7	795,46	3084,40	1,96	Metallothionein-like protein 4a	MT4A
GSMUA_Achr8T23750_001	chr8	231,08	895,38	1,95	Hypothetical protein	PRSS27
GSMUA_Achr10T08380_001	chr10	111,10	428,05	1,95	Putative receptor-like protein kinase haiku2	IKU2
GSMUA_Achr1T09510_001	chr1	294,41	1133,79	1,95	Putative uncharacterized protein sll1770	SLL1770
GSMUA_Achr6T02860_001	chr6	247,75	953,63	1,94	Putative f-box/lrr-repeat protein 14	FBXL14
GSMUA_Achr2T18890_001	chr2	491,05	1889,65	1,94	Putative proactivator polypeptide	PSAP
GSMUA_Achr11T17230_001	chr11	507,71	1953,32	1,94	Ammonium transporter 1 member 1	AMT1-1
GSMUA_Achr9T11010_001	chr9	73,32	281,75	1,94	Thioesterase family protein, putative, expressed	YDII
GSMUA_AchrUn_randomT00500_001	chrUn_random	54,44	208,61	1,94	Putative expressed protein	PCMP-H16
GSMUA_Achr6T06960_001	chr6	204,42	780,24	1,93	Putative probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at5g49770	AT5G49770
GSMUA_Achr5T09050_001	chr5	115,54	438,89	1,93	Amsh-like ubiquitin thiolesterase 2	AMSH2
GSMUA_Achr4T25610_001	chr4	99,99	379,28	1,92	Hypothetical protein	TL1
GSMUA_Achr9T13850_001	chr9	99,99	379,28	1,92	Putative expressed protein	DESCONHECIDO

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr6T23540_001	chr6	204,42	774,82	1,92	Putative gamma-glutamyltranspeptidase 1	GGT1
GSMUA_Achr3T23450_001	chr3	95,54	360,32	1,92	Putative reticuline oxidase	BBE1
GSMUA_Achr2T13440_001	chr2	172,20	648,85	1,91	Putative lob domain-containing protein 38	LBD38
GSMUA_Achr8T28000_001	chr8	452,17	1701,36	1,91	Glutamate synthase [nadh], amyloplastic	GLT1
GSMUA_Achr7T18200_001	chr7	71,10	265,50	1,90	Myb-related protein mybas1	MYBAS1
GSMUA_Achr8T30130_001	chr8	261,08	969,88	1,89	Aldehyde dehydrogenase family 3 member h1	ALDH3H1
GSMUA_Achr4T12100_001	chr4	91,10	337,29	1,89	Putative expressed protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr1T08400_001	chr1	166,65	616,34	1,89	Probable adp-ribosylation factor gtpase-activating protein agd11	AGD11
GSMUA_Achr2T17220_001	chr2	66,66	246,53	1,89	Vq domain containing protein, putative, expressed	MLL2
GSMUA_Achr10T23000_001	chr10	319,96	1179,85	1,88	Phosphoinositide phospholipase c 6	PLC6
GSMUA_Achr4T07490_001	chr4	99,99	368,45	1,88	Expressed protein	SPBC1773.16C
GSMUA_Achr9T09650_001	chr9	71,10	261,44	1,88	Dof zinc finger domain containing protein, putative, expressed	DOF5.7
GSMUA_Achr5T18060_001	chr5	214,42	785,66	1,87	Probable xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein 30	XTH30
GSMUA_Achr9T22030_001	chr9	99,99	365,74	1,87	Wound responsive protein, putative, expressed	RV1829
GSMUA_Achr4T23000_001	chr4	224,42	816,82	1,86	Cbl-interacting protein kinase 23	CIPK23
GSMUA_Achr4T27280_001	chr4	66,66	242,47	1,86	Zinc-binding protein, putative, expressed	AT3G50808
GSMUA_AchrUn_randomT17700_001	chrUn_random	101,10	367,09	1,86	F-box protein skp2a	SKP2A
GSMUA_Achr9T23460_001	chr9	444,39	1613,31	1,86	Caffeic acid 3-o-methyltransferase	COMT
GSMUA_Achr10T23760_001	chr10	269,97	975,30	1,85	Probable alpha,alpha-trehalose-phosphate synthase [udp-forming] 9	TPS9
GSMUA_Achr10T06460_001	chr10	815,45	2943,52	1,85	Putative eyes absent homolog 2	EYA2
GSMUA_Achr1T25080_001	chr1	83,32	300,72	1,85	Putative uncharacterized protein	ARGC
GSMUA_Achr6T00100_001	chr6	179,98	648,85	1,85	Putative uncharacterized protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr9T15480_001	chr9	837,67	3016,67	1,85	Nitrate reductase [nadh] 1	NIA1
GSMUA_Achr9T08450_001	chr9	177,76	639,37	1,85	Alcohol dehydrogenase 2	ADH2
GSMUA_Achr10T26720_001	chr10	806,57	2900,17	1,85	2-oxoglutarate dehydrogenase, mitochondrial	OGDH
GSMUA_Achr9T01670_001	chr9	305,52	1095,86	1,84	U-box domain-containing protein 9	PUB9
GSMUA_Achr11T19940_001	chr11	166,65	597,37	1,84	Cbl-interacting protein kinase 32	CIPK32

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr6T30710_001	chr6	91,10	326,46	1,84	Putative cytochrome p450 71d10	CYP71D10
GSMUA_Achr8T23450_001	chr8	104,43	372,51	1,83	Putative cytokinin-o-glucosyltransferase 2	UGT85A1
GSMUA_Achr11T02730_001	chr11	282,19	1003,75	1,83	Peroxidase 5	GSVIVT00037159001
GSMUA_Achr2T10670_001	chr2	132,21	468,69	1,83	Gem, putative	AT5G23370
GSMUA_Achr10T06470_001	chr10	82,21	291,24	1,82	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr8T07680_001	chr8	91,10	322,39	1,82	Histidine-containing phosphotransfer protein 1	HP1
GSMUA_Achr8T28210_001	chr8	93,32	329,16	1,82	Putative expressed protein	BCORL1
GSMUA_Achr10T22720_001	chr10	378,84	1335,62	1,82	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr2T21990_001	chr2	102,21	360,32	1,82	Putative uncharacterized protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr5T27270_001	chr5	99,99	352,19	1,82	Autophagy-related protein 8i	ATG8I
GSMUA_Achr5T03540_001	chr5	168,87	594,66	1,82	Probable xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein 30	XTH30
GSMUA_Achr10T17710_001	chr10	369,95	1299,05	1,81	Ef hand family protein, expressed	DDB_G0272130
GSMUA_Achr1T14130_001	chr1	97,77	342,71	1,81	Putative duf581 domain containing protein, expressed	IIV6-009R
GSMUA_Achr9T13520_001	chr9	79,99	280,40	1,81	Protein wax2	WAX2
GSMUA_Achr6T36920_001	chr6	131,09	459,21	1,81	Hexose carrier protein hex6	HEX6
GSMUA_Achr10T06760_001	chr10	108,88	379,28	1,80	Serine carboxypeptidase-like 51	SCPL51
GSMUA_Achr8T10100_001	chr8	125,54	436,18	1,80	Putative thiamin pyrophosphokinase 1	TPK1
GSMUA_Achr11T20710_001	chr11	109,99	381,99	1,80	Nicotianamine synthase 3	NAS3
GSMUA_Achr10T24570_001	chr10	141,09	489,01	1,79	Probable protein phosphatase 2c 41	OS04G0452000
GSMUA_AchrUn_randomT19430_001	chrUn_random	179,98	621,76	1,79	Putative polyneuridine-aldehyde esterase	PNAE
GSMUA_Achr7T08240_001	chr7	154,43	531,00	1,78	Gibberellin 20 oxidase 2, putative, expressed	20OX2
GSMUA_Achr7T19410_001	chr7	126,65	434,82	1,78	Cellulose synthase a catalytic subunit 9 [udp-forming]	CESA9
GSMUA_Achr7T18180_001	chr7	368,84	1265,18	1,78	E3 ubiquitin-protein ligase xb3	XB3
GSMUA_Achr3T01710_001	chr3	98,88	338,65	1,78	Serine/threonine-protein kinase sapk2	SAPK2
GSMUA_Achr8T30880_001	chr8	414,39	1418,25	1,78	Glutamine synthetase cytosolic isozyme 2	GS1-2
GSMUA_Achr5T22720_001	chr5	1110,97	3788,78	1,77	Plasma membrane atpase	OS04G0656100

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr7T27200_001	chr7	139,98	476,81	1,77	Tyrosine protein kinase domain containing protein, putative, expressed	APK1B
GSMUA_Achr1T19480_001	chr1	237,75	808,69	1,77	Putative aspartic proteinase nepenthesin-2	NEP2
GSMUA_Achr8T11170_001	chr8	147,76	501,20	1,76	Autophagy-related protein 8g	ATG8G
GSMUA_Achr4T30730_001	chr4	544,38	1846,30	1,76	Hypothetical protein	GABRG2
GSMUA_Achr6T24670_001	chr6	162,20	549,96	1,76	Predicted protein (fragment)	DDB2
GSMUA_Achr6T18180_001	chr6	252,19	852,04	1,76	Putative bel1-like homeodomain protein 1	BLH1
GSMUA_Achr3T30510_001	chr3	759,90	2564,23	1,75	Membrane protein, putative, expressed	MJ0441
GSMUA_Achr4T11470_001	chr4	181,09	609,56	1,75	Expressed protein	IPI3
GSMUA_Achr2T22160_001	chr2	529,93	1778,57	1,75	Acyl-coenzyme a oxidase 2, peroxisomal	ACX2
GSMUA_Achr5T11960_001	chr5	407,73	1368,13	1,75	Putative probable glutathione s-transferase	HSP26-A
GSMUA_Achr7T08140_001	chr7	277,74	931,96	1,75	Putative cytosolic purine 5'-nucleotidase	NT5C2
GSMUA_Achr6T18720_001	chr6	113,32	379,28	1,74	Nac domain-containing protein 48	NAC48
GSMUA_Achr1T06400_001	chr1	228,86	765,34	1,74	Predicted protein	BEL1
GSMUA_Achr8T06100_001	chr8	1134,30	3787,43	1,74	Putative cathepsin b	CTSB
GSMUA_Achr6T00690_001	chr6	99,99	333,23	1,74	Putative secologanin synthase	CYP72A1
GSMUA_Achr5T29550_001	chr5	558,82	1859,85	1,73	Protein lurp-one-related 15	AT5G01750
GSMUA_Achr9T28860_001	chr9	504,38	1676,98	1,73	Ubiquitin-conjugating enzyme e2-17 kda	UBC10
GSMUA_Achr9T15880_001	chr9	426,61	1412,83	1,73	Alpha,alpha-trehalose-phosphate synthase [udp-forming] 6	TPS6
GSMUA_Achr8T18410_001	chr8	193,31	639,37	1,73	Putative metal tolerance protein c3	MTPC3
GSMUA_Achr9T10970_001	chr9	703,25	2323,12	1,72	Plasma membrane atpase 1	PMA1
GSMUA_Achr4T02820_001	chr4	169,98	560,80	1,72	Secologanin synthase	CYP72A1
GSMUA_Achr10T09210_001	chr10	293,30	967,18	1,72	Putative subtilisin-like protease	ARA12
GSMUA_Achr10T00370_001	chr10	116,65	383,35	1,72	Magnesium-protoporphyrin ix monomethyl ester [oxidative] cyclase, chloroplastic	CRD1
GSMUA_Achr5T07370_001	chr5	122,21	400,96	1,71	Potassium transporter 1	POT1
GSMUA_Achr6T01050_001	chr6	291,07	954,98	1,71	Pentatricopeptide containing protein, putative, expressed	AT1G06150
GSMUA_Achr7T27050_001	chr7	853,23	2797,22	1,71	Putative suppressor of disruption of tflis	SDT1

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr5T28200_001	chr5	311,07	1015,94	1,71	Asparagine synthetase [glutamine-hydrolyzing]	AS1
GSMUA_Achr1T24320_001	chr1	368,84	1204,23	1,71	Otu-like cysteine protease family protein, putative, expressed	DDB_G0284757
GSMUA_Achr5T14070_001	chr5	137,76	447,01	1,70	Putative protein vip1	VIP1
GSMUA_Achr6T07820_001	chr6	131,09	423,99	1,69	Metal transporter nramp3	NRAMP3
GSMUA_Achr10T11080_001	chr10	123,32	398,25	1,69	Expressed protein	CHERP
GSMUA_Achr8T25220_001	chr8	153,31	493,07	1,69	Putative transcription factor myb44	MYB44
GSMUA_Achr10T30810_001	chr10	423,28	1358,65	1,68	Plasma membrane atpase	OS04G0656100
GSMUA_Achr7T25630_001	chr7	322,18	1032,20	1,68	Putative anthocyanin 3'-o-beta-glucosyltransferase	UGT73C5
GSMUA_Achr10T15460_001	chr10	453,28	1450,76	1,68	Putative expressed protein	AT4G22760
GSMUA_Achr2T07930_001	chr2	126,65	403,67	1,67	Myb family transcription factor, putative, expressed	MYB86
GSMUA_Achr6T31850_001	chr6	351,07	1118,89	1,67	Respiratory burst oxidase homolog protein f	RBOHF
GSMUA_Achr8T03560_001	chr8	147,76	470,04	1,67	Probable protein phosphatase 2c 62	OS07G0507000
GSMUA_Achr6T26180_001	chr6	671,03	2132,12	1,67	Metallothionein-like protein type 3	MT3A
GSMUA_Achr4T06800_001	chr4	167,76	531,00	1,66	Putative universal stress protein a-like protein	AT3G01520
GSMUA_Achr5T11320_001	chr5	237,75	750,44	1,66	Act domain containing protein, expressed	GLND
GSMUA_Achr3T10140_001	chr3	552,15	1733,87	1,65	Ethylene-responsive transcription factor 1	EREBP1
GSMUA_Achr4T26400_001	chr4	195,53	613,63	1,65	Putative scarecrow-like protein 8	SCL8
GSMUA_Achr11T04500_001	chr11	158,87	497,13	1,65	S-norcoclaurine synthase 1	NCS1
GSMUA_Achr3T31140_001	chr3	785,46	2455,87	1,64	Aspartic proteinase oryzasin-1	OS05G0567100
GSMUA_Achr11T04470_001	chr11	266,63	831,72	1,64	S-norcoclaurine synthase 1	NCS1
GSMUA_Achr8T06450_001	chr8	293,30	914,35	1,64	Pyrophosphate-energized vacuolar membrane proton pump 1	AVP1
GSMUA_Achr5T00220_001	chr5	283,30	881,84	1,64	Putative potassium transporter 12	HAK12
GSMUA_Achr1T10310_001	chr1	193,31	601,44	1,64	Putative syntaxin 6, n-terminal domain containing protein, expressed	SYP61
GSMUA_Achr9T11370_001	chr9	194,42	604,15	1,64	Glycosyltransferase family 43 protein, putative, expressed	B3GAT1
GSMUA_Achr4T26930_001	chr4	162,20	503,91	1,64	Putative probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase imk3	IMK3
GSMUA_Achr4T05930_001	chr4	163,31	506,62	1,63	Expressed protein	IPI3

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr3T18990_001	chr3	374,40	1160,88	1,63	Nac domain-containing protein 2	NAC002
GSMUA_Achr4T30180_001	chr4	386,62	1186,62	1,62	Putative cadmium/zinc-transporting atpase 3	HMA2
GSMUA_AchrUn_randomT05100_001	chrUn_random	193,31	593,31	1,62	Putative cytochrome p450 89a2	CYP89A2
GSMUA_Achr8T10830_001	chr8	354,40	1086,38	1,62	Peroxidase 5	GSVIVT00037159001
GSMUA_Achr6T12890_001	chr6	197,75	604,15	1,61	Amino acid permease 2	AAP2
GSMUA_Achr4T28130_001	chr4	306,63	934,67	1,61	Non-symbiotic hemoglobin 1	AHB1
GSMUA_Achr9T22330_001	chr9	291,07	887,25	1,61	Zinc finger a20 and an1 domain-containing stress-associated protein 8	SAP8
GSMUA_Achr7T12780_001	chr7	303,30	921,12	1,60	Putative expressed protein	LAMA2
GSMUA_Achr5T10230_001	chr5	288,85	875,06	1,60	Putative naringenin,2-oxoglutarate 3-dioxygenase	FHT
GSMUA_Achr2T17500_001	chr2	287,74	866,94	1,59	Putative non-specific lipid-transfer protein-like protein at2g13820	AT2G13820
GSMUA_Achr2T16420_001	chr2	333,29	1002,39	1,59	Putative aspartic proteinase nepenthesin-1	NEP1
GSMUA_Achr9T09720_001	chr9	215,53	643,43	1,58	Cold acclimation protein wcpr413, putative, expressed	BGLM
GSMUA_Achr5T21300_001	chr5	211,08	629,88	1,58	Auxin-repressed protein, putative, expressed	HDAC6
GSMUA_Achr1T14110_001	chr1	222,19	661,04	1,57	1,2-dihydroxy-3-keto-5-methylthiopentene dioxygenase 2	ARD2
GSMUA_Achr5T08250_001	chr5	262,19	777,53	1,57	Zinc finger, c3hc4 type domain containing protein, expressed	ICP0
GSMUA_Achr8T19590_001	chr8	348,85	1026,78	1,56	Putative phospholipase c 4	PLCD
GSMUA_Achr8T07790_001	chr8	317,74	934,67	1,56	Momilactone a synthase	OS04G0179200
GSMUA_Achr7T22480_001	chr7	258,86	759,92	1,55	Anac083 transcription factor	NAC68
GSMUA_Achr6T07230_001	chr6	422,17	1223,19	1,53	F-box protein 7	SKIP32
GSMUA_Achr6T15290_001	chr6	351,07	1014,59	1,53	Act domain containing protein, expressed	GLND
GSMUA_Achr6T01640_001	chr6	403,28	1156,82	1,52	Sulfate transporter, putative, expressed	RV1739C
GSMUA_AchrUn_randomT24270_001	chrUn_random	358722,74	809611,26	1,17	Hypothetical protein	GLC3
GSMUA_Achr5T14190_001	chr5	1146,52	375,22	-1,61	Omega-3 fatty acid desaturase, chloroplastic	FAD7
GSMUA_Achr5T21740_001	chr5	1053,20	344,07	-1,61	Tubulin beta-1 chain	TUBB1
GSMUA_Achr5T09690_001	chr5	1285,39	417,21	-1,62	Putative 1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase	ACO
GSMUA_Achr5T18410_001	chr5	1074,31	346,77	-1,63	Pectinacetyl esterase domain containing protein, expressed	NOTUM
GSMUA_Achr9T03450_001	chr9	828,78	265,50	-1,64	Tropinone reductase homolog at1g07440	AT1G07440

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr3T23350_001	chr3	1235,40	395,54	-1,64	F-box/kelch-repeat protein at5g60570	AT5G60570
GSMUA_Achr10T12320_001	chr10	1142,08	363,03	-1,65	Putative staphylococcal nuclease domain-containing protein 1	SND1
GSMUA_Achr11T03830_001	chr11	1259,84	399,60	-1,66	Monocopper oxidase-like protein sku5	SKU5
GSMUA_Achr10T14230_001	chr10	1635,35	516,10	-1,66	Putative mitochondrial 2-oxoglutarate/malate carrier protein	NCU10732
GSMUA_Achr5T10950_001	chr5	986,54	310,20	-1,67	Trypsin inhibitor	ODZ3
GSMUA_Achr11T19880_001	chr11	708,80	222,15	-1,67	Probable inactive receptor kinase at5g58300	AT5G58300
GSMUA_Achr5T16420_001	chr5	1243,18	387,41	-1,68	Abc transporter c family member 13	ABCC13
GSMUA_Achr6T19880_001	chr6	1418,71	441,60	-1,68	Probable peroxisomal (s)-2-hydroxy-acid oxidase 2	AT3G14420
GSMUA_AchrUn_randomT07360_001	chrUn_random	1166,52	363,03	-1,68	Alpha-1,4-galacturonosyltransferase 1	GAUT1
GSMUA_AchrUn_randomT18470_001	chrUn_random	1028,76	319,68	-1,69	Putative uncharacterized protein at2g39795, mitochondrial	AT2G39795
GSMUA_Achr3T10420_001	chr3	861,00	266,85	-1,69	Leaf senescence related protein, putative, expressed	CASD1
GSMUA_Achr5T00330_001	chr5	1200,96	371,16	-1,69	Phosphoglycerate kinase, cytosolic	AT1G56190
GSMUA_Achr3T24370_001	chr3	1386,49	428,05	-1,70	Cas1 domain-containing protein 1 precursor, putative, expressed	CASD1
GSMUA_Achr9T03480_001	chr9	1046,54	322,39	-1,70	Putative c-4 methylsterol oxidase ddb_g0269788	DDB_G0269788
GSMUA_Achr9T28780_001	chr9	1264,29	388,77	-1,70	Putative mitochondrial 2-oxoglutarate/malate carrier protein	NCU10732
GSMUA_Achr3T11780_001	chr3	1428,71	438,89	-1,70	Lipoxygenase 2,3, chloroplastic	LOX2,3
GSMUA_Achr2T08680_001	chr2	745,46	228,93	-1,70	Fad-binding and arabino-lactone oxidase domains containing protein, putative, expressed	ALO-1
GSMUA_Achr7T04480_001	chr7	626,59	192,35	-1,70	Phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase 9	PIP5K9
GSMUA_Achr5T23970_001	chr5	884,33	270,92	-1,71	Putative chromosome-associated kinesin kif4	KIF4
GSMUA_Achr11T24780_001	chr11	841,01	257,37	-1,71	Pyruvate decarboxylase isozyme 2	PDC2
GSMUA_Achr10T27530_001	chr10	842,12	257,37	-1,71	Putative transmembrane 9 superfamily member 4	TM9SF4
GSMUA_Achr1T20820_001	chr1	948,77	289,88	-1,71	Hypothetical protein	ago/61
GSMUA_AchrUn_randomT02800_001	chrUn_random	2297,49	701,68	-1,71	Glutathione reductase, cytosolic	GRC2
GSMUA_Achr5T14520_001	chr5	838,78	256,02	-1,71	Putative udp-glucose:glycoprotein glucosyltransferase 1	UGGT1
GSMUA_Achr3T25380_001	chr3	623,26	189,64	-1,72	Putative expressed protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr4T25880_001	chr4	731,02	222,15	-1,72	Monosaccharide-sensing protein 2	MSSP2

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr7T01600_001	chr7	585,48	177,45	-1,72	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr4T04100_001	chr4	1115,42	337,29	-1,73	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase, chloroplastic	AT1G17745
GSMUA_Achr10T10350_001	chr10	519,93	157,13	-1,73	125 kDa kinesin-related protein	TKRP125
GSMUA_Achr4T17400_001	chr4	511,05	154,42	-1,73	Carboxyl-terminal peptidase, putative, expressed	RPS2
GSMUA_Achr7T23260_001	chr7	2531,90	763,99	-1,73	Probable methyltransferase pmt26	AT5G64030
GSMUA_AchrUn_randomT27000_001	chrUn_random	702,13	211,32	-1,73	Transketolase, chloroplastic	TKT7
GSMUA_Achr10T18540_001	chr10	1022,09	306,14	-1,74	Oligopeptide transporter 3	OPT3
GSMUA_Achr9T11450_001	chr9	634,36	189,64	-1,74	Putative uncharacterized protein	CYTSA
GSMUA_Achr4T11940_001	chr4	2776,32	827,65	-1,75	Luminal-binding protein 4	BIP4
GSMUA_Achr8T26580_001	chr8	776,57	230,28	-1,75	Putative uncharacterized membrane protein at3g27390	AT3G27390
GSMUA_Achr6T36780_001	chr6	494,38	146,30	-1,76	Oxysterol-binding protein, putative, expressed	SPBC2F12.05C
GSMUA_Achr9T23750_001	chr9	504,38	149,00	-1,76	Pyruvate kinase, cytosolic isozyme	AT4G26390
GSMUA_Achr10T18640_001	chr10	449,94	132,75	-1,76	Indole-3-acetic acid-amido synthetase gh3.17	GH3.17
GSMUA_Achr4T02650_001	chr4	563,26	165,26	-1,77	Glucan endo-1,3-beta-glucosidase 13	AT5G56590
GSMUA_Achr9T01650_001	chr9	575,48	167,97	-1,78	Kinesin motor domain domain containing protein, expressed	KIF15
GSMUA_Achr6T36830_001	chr6	1853,10	540,48	-1,78	Monocopper oxidase-like protein sku5	SKU5
GSMUA_Achr6T16230_001	chr6	2038,63	593,31	-1,78	Acetyl-coenzyme a synthetase, cytoplasmic	ACSS2
GSMUA_Achr4T05470_001	chr4	1503,14	436,18	-1,78	Dihydroxy-acid dehydratase	ILVD
GSMUA_Achr7T12490_001	chr7	546,60	158,49	-1,79	Calmodulin-binding heat-shock protein, putative, expressed	DAGLB
GSMUA_Achr6T22220_001	chr6	2064,19	597,37	-1,79	Putative fasciclin-like arabinogalactan protein 6	FLA6
GSMUA_Achr3T14180_001	chr3	431,06	124,62	-1,79	Osfbx154 - f-box domain containing protein, expressed	HMBS
GSMUA_Achr1T04440_001	chr1	806,57	232,99	-1,79	Whole genome shotgun sequence of line pn40024, scaffold_0.assembly12x (fragment)	AT5G08000
GSMUA_Achr9T29660_001	chr9	2164,17	624,46	-1,79	Putative serine/threonine-protein kinase nek5	NEK5
GSMUA_Achr5T11650_001	chr5	601,04	173,39	-1,79	Putative probable e3 ubiquitin-protein ligase herc2	HERC2
GSMUA_Achr8T15850_001	chr8	619,92	178,81	-1,79	Targeting protein-related, putative, expressed	TPX2-B
GSMUA_Achr5T13350_001	chr5	3334,03	960,40	-1,80	Cell elongation protein diminuto	DIM

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr11T03530_001	chr11	541,04	155,78	-1,80	Putative cytochrome p450 86a1	CYP86A1
GSMUA_Achr1T12200_001	chr1	1022,09	292,59	-1,80	Delta(7)-sterol-c5(6)-desaturase	STE1
GSMUA_Achr5T28430_001	chr5	1477,59	422,63	-1,81	Putative probable nadh dehydrogenase	DDB_G0270104
GSMUA_Achr3T04520_001	chr3	3285,14	937,37	-1,81	Putative transmembrane 9 superfamily member 4	TM9SF4
GSMUA_Achr3T25300_001	chr3	499,94	142,23	-1,81	Alpha-1,4-glucan-protein synthase [udp-forming] 2	UPTG2
GSMUA_Achr8T15440_001	chr8	638,81	181,51	-1,82	Carboxyl-terminal peptidase, putative, expressed	PANB
GSMUA_Achr8T15370_001	chr8	773,24	219,44	-1,82	Glucan endo-1,3-beta-glucosidase 4	AT3G13560
GSMUA_Achr10T13920_001	chr10	492,16	139,52	-1,82	Proliferating cell nuclear antigen	OS02G0805200
GSMUA_Achr7T07040_001	chr7	1443,15	409,09	-1,82	Expansin-b18	EXPB18
GSMUA_AchrUn_randomT17970_001	chrUn_random	999,87	281,75	-1,83	Putative cytokinin-o-glucosyltransferase 3	UGT73C5
GSMUA_AchrUn_randomT14540_001	chrUn_random	567,71	159,84	-1,83	Probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase imk3	IMK3
GSMUA_Achr10T11160_001	chr10	1427,60	400,96	-1,83	Hypothetical protein	ROS1
GSMUA_Achr10T30740_001	chr10	792,12	222,15	-1,83	Expressed protein	NST1
GSMUA_AchrUn_randomT10860_001	chrUn_random	444,39	124,62	-1,83	Myosin head domain containing protein, expressed	MYOH
GSMUA_Achr6T28410_001	chr6	672,14	188,29	-1,84	Kelch repeat-containing protein at3g27220	AT3G27220
GSMUA_Achr8T15900_001	chr8	1253,18	350,84	-1,84	L-ascorbate oxidase homolog	BP10
GSMUA_Achr6T03800_001	chr6	706,58	197,77	-1,84	Coatomer subunit beta-1	OS11G0174000
GSMUA_Achr3T09730_001	chr3	726,58	203,19	-1,84	Receptor-like protein kinase feronia	FER
GSMUA_Achr3T04750_001	chr3	397,73	111,08	-1,84	Putative expressed protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr3T20050_001	chr3	757,68	211,32	-1,84	Probable methyltransferase pmt2	AT1G26850
GSMUA_Achr7T08400_001	chr7	2434,14	677,29	-1,85	Expressed protein	MCCA
GSMUA_Achr7T11190_001	chr7	1746,45	484,94	-1,85	Dynamin-related protein 1c	DRP1C
GSMUA_Achr3T18450_001	chr3	532,16	147,65	-1,85	Plastocyanin-like domain containing protein, putative, expressed	AT5G15350
GSMUA_Achr6T02280_001	chr6	366,62	101,59	-1,85	Uncharacterized protein at1g14870	AT1G14870
GSMUA_Achr1T02660_001	chr1	504,38	139,52	-1,85	Putative uncharacterized protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr11T16470_001	chr11	462,16	127,33	-1,86	Putative expressed protein	DESCONHECIDO

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr2T19670_001	chr2	669,92	184,22	-1,86	Putative glycosyl transferase, group 1 domain containing protein, expressed	YTCC
GSMUA_Achr4T24640_001	chr4	930,99	256,02	-1,86	14 kda proline-rich protein dc2.15	TPRP-F1
GSMUA_Achr1T24880_001	chr1	1913,09	524,23	-1,87	Probable atp-citrate synthase	ACLY
GSMUA_AchrUn_randomT07850_001	chrUn_random	1704,23	465,98	-1,87	Cellulose synthase-like protein d2	CSLD2
GSMUA_Achr9T01110_001	chr9	327,74	89,40	-1,87	E3 ubiquitin-protein ligase orthrus 2	ORTH2
GSMUA_AchrUn_randomT03900_001	chrUn_random	457,72	124,62	-1,88	Putative pleiotropic drug resistance protein 7	PDR7
GSMUA_Achr8T14680_001	chr8	373,29	101,59	-1,88	Probable xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein 30	XTH30
GSMUA_Achr9T12510_001	chr9	746,57	203,19	-1,88	Putative c2 and gram domain-containing protein at1g03375	AT1G03375
GSMUA_Achr9T20690_001	chr9	1514,25	410,44	-1,88	Putative clathrin interactor epsin 2	EPSIN2
GSMUA_Achr6T21210_001	chr6	599,92	162,55	-1,88	Cyclohexalenol cycloisomerase	CPI1
GSMUA_Achr1T02190_001	chr1	412,17	111,08	-1,89	Putative alpha-amylase	AMY1.1
GSMUA_Achr4T09420_001	chr4	373,29	100,24	-1,90	Putative probable lrr receptor-like serine/threonine-protein kinase at4g37250	AT4G37250
GSMUA_Achr10T28550_001	chr10	394,39	105,66	-1,90	L-ascorbate oxidase homolog	BP10
GSMUA_Achr2T04100_001	chr2	1804,22	482,23	-1,90	Nicotiana lesion-inducing like, putative, expressed	PSD
GSMUA_Achr6T32010_001	chr6	359,95	96,18	-1,90	Putative glucose-6-phosphate 1-epimerase	YMR099C
GSMUA_Achr7T17770_001	chr7	3652,87	973,95	-1,91	Endoplasmin homolog	HSP90
GSMUA_Achr4T09980_001	chr4	2187,50	582,47	-1,91	Abc transporter b family member 19	ABCB19
GSMUA_Achr8T27850_001	chr8	685,47	181,51	-1,92	Putative fatty acid desaturase 2	FADS2
GSMUA_Achr8T25020_001	chr8	737,69	195,06	-1,92	Ctp synthase	CTPS
GSMUA_Achr4T33220_001	chr4	1333,17	352,19	-1,92	Methyladenine glycosylase, putative, expressed	GUAA
GSMUA_Achr5T01920_001	chr5	2454,14	647,49	-1,92	Probable xyloglucan glycosyltransferase 12	CSLC12
GSMUA_Achr1T11160_001	chr1	3276,26	861,52	-1,93	Chaperonin cpn60-2, mitochondrial	CPN60II
GSMUA_Achr11T09050_001	chr11	1642,02	430,76	-1,93	60s ribosomal protein l3	RPL3
GSMUA_Achr1T15720_001	chr1	1477,59	386,06	-1,94	Probable auxin efflux carrier component 2	PIN2

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr5T15810_001	chr5	573,26	149,00	-1,94	Putative gdsl esterase/lipase at4g16230	AT4G16230
GSMUA_Achr7T24090_001	chr7	344,40	89,40	-1,95	Chaperonin cpn60-like 2, mitochondrial	AT3G13860
GSMUA_Achr10T09670_001	chr10	303,30	78,57	-1,95	Fha domain containing protein, putative, expressed	NCAPH2
GSMUA_Achr10T07810_001	chr10	1072,09	276,34	-1,96	Gdp-mannose 4,6 dehydratase 1	GMD1
GSMUA_Achr4T27470_001	chr4	463,28	119,20	-1,96	Hypothetical protein	ZDBF2
GSMUA_Achr10T08500_001	chr10	295,52	75,86	-1,96	Gamma-tubulin complex component 6, putative, expressed	TUBGCP6
GSMUA_Achr5T25850_001	chr5	327,74	83,98	-1,96	Hypothetical protein	TIM50
GSMUA_Achr2T06540_001	chr2	306,63	78,57	-1,96	Putative ocs element-binding factor 1	OBF1
GSMUA_Achr4T19270_001	chr4	1603,13	410,44	-1,97	Enoyl-[acyl-carrier-protein] reductase [nadph], chloroplastic	FABI
GSMUA_Achr1T14530_001	chr1	3320,69	849,33	-1,97	Pleiotropic drug resistance protein 3	PDR3
GSMUA_Achr9T11910_001	chr9	1194,29	304,78	-1,97	Peroxidase 1	PRX74
GSMUA_Achr8T13800_001	chr8	1052,09	268,21	-1,97	Cell elongation protein diminuto	DIM
GSMUA_Achr4T14230_001	chr4	404,39	102,95	-1,97	Expressed protein	MNME
GSMUA_Achr9T03470_001	chr9	623,26	158,49	-1,98	Tropinone reductase homolog at1g07440	AT1G07440
GSMUA_Achr6T11260_001	chr6	1044,31	265,50	-1,98	Atmap70 protein, putative, expressed	KIF20B
GSMUA_Achr6T28550_001	chr6	283,30	71,79	-1,98	Putative ap2-like ethylene-responsive transcription factor bbm2	BBM2
GSMUA_Achr7T07930_001	chr7	2798,54	704,39	-1,99	Tyrosine/dopa decarboxylase 5	TYDC5
GSMUA_Achr6T13400_001	chr6	636,59	159,84	-1,99	Glucomannan 4-beta-mannosyltransferase 9	CSLA9
GSMUA_Achr3T15780_001	chr3	248,86	62,31	-2,00	Putative fatty acid desaturase 3	FADS3
GSMUA_Achr3T22440_001	chr3	433,28	108,37	-2,00	Dna polymerase alpha catalytic subunit	OS01G0868300
GSMUA_Achr1T11300_001	chr1	406,62	101,59	-2,00	Putative serine/threonine-protein kinase ulk4	ULK4
GSMUA_Achr8T24560_001	chr8	618,81	154,42	-2,00	Lung seven transmembrane domain containing protein, putative, expressed	TMEM87A
GSMUA_Achr6T14780_001	chr6	283,30	70,44	-2,01	Putative stig11 - stigma-specific stig1 family protein precursor, expressed	PVIP
GSMUA_Achr3T13820_001	chr3	505,49	124,62	-2,02	Rna recognition motif containing protein, putative, expressed	RBM38
GSMUA_Achr4T24630_001	chr4	621,03	153,07	-2,02	Cyclin-u2-1	CYCU2-1

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr9T15970_001	chr9	1914,20	471,40	-2,02	Hypothetical protein	KIF11
GSMUA_Achr10T20720_001	chr10	264,41	65,02	-2,02	Putative ocs element-binding factor 1	OBF1
GSMUA_Achr1T20490_001	chr1	264,41	65,02	-2,02	Kinesin motor domain containing protein, putative, expressed	KIF11-B
GSMUA_Achr2T07010_001	chr2	673,25	165,26	-2,03	Expressed protein	STK36
GSMUA_Achr11T12680_001	chr11	1493,15	365,74	-2,03	Methionine s-methyltransferase	MMT1
GSMUA_Achr11T06400_001	chr11	455,50	111,08	-2,04	Zinc finger, c3hc4 type domain containing protein, expressed	RNF12-B
GSMUA_Achr8T26350_001	chr8	5238,23	1276,02	-2,04	Cytochrome p450 90b1	CYP90B1
GSMUA_Achr5T10920_001	chr5	631,03	153,07	-2,04	Trypsin inhibitor	CUBN
GSMUA_Achr5T28110_001	chr5	527,71	127,33	-2,05	Putative importin subunit beta-1	KPNB1
GSMUA_Achr8T24490_001	chr8	748,79	180,16	-2,06	Putative transcription factor bhlh49	BHLH49
GSMUA_Achr1T20720_001	chr1	972,10	232,99	-2,06	Phosphoenolpyruvate carboxylase 4	PPC4
GSMUA_Achr5T03770_001	chr5	844,34	201,83	-2,06	Dna topoisomerase 2	TOP2
GSMUA_Achr1T27430_001	chr1	442,17	105,66	-2,07	Putative interactor of constitutive active rops 4	ICR4
GSMUA_AchrUn_randomT18480_001	chrUn_random	2304,16	549,96	-2,07	3-hydroxy-3-methylglutaryl-coenzyme a reductase 3	HMG3
GSMUA_Achr2T09600_001	chr2	261,08	62,31	-2,07	Putative probable serine/threonine-protein kinase at1g01540	AT1G01540
GSMUA_Achr4T22520_001	chr4	806,57	192,35	-2,07	Auxin-responsive protein iaa30	IAA30
GSMUA_Achr7T21900_001	chr7	284,41	67,73	-2,07	Expressed protein	FILIP1
GSMUA_Achr1T16030_001	chr1	233,30	55,54	-2,07	Putative pathogenesis-related protein 5	AT1G75040
GSMUA_Achr10T10740_001	chr10	836,56	199,12	-2,07	Beta-glucosidase 4	BGLU4
GSMUA_Achr6T21980_001	chr6	3906,18	929,25	-2,07	Peroxidase 1	PRX74
GSMUA_AchrUn_randomT13480_001	chrUn_random	353,29	83,98	-2,07	Kinesin heavy chain, putative	ATK4
GSMUA_Achr11T03600_001	chr11	615,48	146,30	-2,07	Kinesin motor domain containing protein, putative, expressed	KIF11
GSMUA_Achr10T18510_001	chr10	673,25	159,84	-2,07	Kinesin motor domain domain containing protein, expressed	KIF15
GSMUA_Achr6T26110_001	chr6	251,08	59,60	-2,07	Alpha,alpha-trehalose-phosphate synthase [udp-forming] 1	TPS1
GSMUA_Achr9T15940_001	chr9	279,96	66,37	-2,08	Chromosome condensation protein like, putative, expressed	NCAPG
GSMUA_Achr10T08690_001	chr10	1505,37	356,26	-2,08	Auxin-responsive protein iaa30	IAA30

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr7T20550_001	chr7	4716,07	1112,12	-2,08	Pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit alpha	PPF-ALPHA
GSMUA_Achr2T11920_001	chr2	229,97	54,18	-2,09	Kinesin motor domain containing protein, expressed	KIF4
GSMUA_Achr6T04910_001	chr6	356,62	83,98	-2,09	Retrotransposon protein, putative, unclassified, expressed	PBS1
GSMUA_Achr2T05360_001	chr2	415,50	97,53	-2,09	Mitogen-activated protein kinase kinase kinase anp1	ANP1
GSMUA_Achr9T07310_001	chr9	456,61	107,01	-2,09	Serine hydroxymethyltransferase 2	SHMT2
GSMUA_Achr1T01470_001	chr1	1766,44	413,15	-2,10	Cell elongation protein diminuto	DIM
GSMUA_Achr10T15250_001	chr10	365,51	85,34	-2,10	X8 domain containing protein, expressed	GLC1
GSMUA_Achr7T04240_001	chr7	464,39	108,37	-2,10	Snakin-2	SN2
GSMUA_AchrUn_randomT15530_001	chrUn_random	278,85	65,02	-2,10	Probable pectin methyltransferase qua2	QUA2
GSMUA_Achr8T23850_001	chr8	692,14	161,20	-2,10	Predicted protein	ARF5
GSMUA_Achr1T01480_001	chr1	532,16	123,27	-2,11	Hypothetical protein	DIM
GSMUA_Achr6T13660_001	chr6	211,08	48,77	-2,11	Kinesin motor domain containing protein, putative, expressed	KIF19
GSMUA_Achr5T07970_001	chr5	293,30	67,73	-2,11	Putative expressed protein	MJ0133
GSMUA_Achr5T10030_001	chr5	457,72	105,66	-2,12	Expressed protein	ATPG
GSMUA_Achr8T07580_001	chr8	199,97	46,06	-2,12	Histone deacetylase hdt1	HDT1
GSMUA_Achr2T21790_001	chr2	213,31	48,77	-2,13	Beta-galactosidase	BGAL7
GSMUA_Achr2T11400_001	chr2	367,73	83,98	-2,13	Putative fh protein nfhl	FH1
GSMUA_Achr11T06920_001	chr11	1044,31	238,41	-2,13	Predicted protein	PDXH
GSMUA_Achr9T28060_001	chr9	433,28	98,88	-2,13	Putative predicted protein	BHLH49
GSMUA_Achr2T20210_001	chr2	764,35	173,39	-2,14	Putative pyruvate kinase, cytosolic isozyme	AT4G26390
GSMUA_Achr10T20690_001	chr10	359,95	81,28	-2,15	Putative sec14 cytosolic factor	SEC14
GSMUA_Achr1T18840_001	chr1	239,97	54,18	-2,15	Della protein slr1, putative, expressed	SCL28
GSMUA_Achr8T33350_001	chr8	252,19	56,89	-2,15	Tubulin beta-1 chain	TUBB1
GSMUA_Achr5T02440_001	chr5	696,58	157,13	-2,15	Btb/poz domain-containing protein at1g30440	AT1G30440
GSMUA_Achr9T26550_001	chr9	324,40	73,15	-2,15	Kinesin motor domain containing protein, putative, expressed	KIF15-A
GSMUA_Achr7T10640_001	chr7	264,41	59,60	-2,15	Putative c-4 methylsterol oxidase ddb_g0269788	DDB_G0269788

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr8T17200_001	chr8	373,29	83,98	-2,15	Expressed protein	NGR_A03790
GSMUA_Achr8T33990_001	chr8	4240,58	950,92	-2,16	Aquaporin pip-type	PIP2-6
GSMUA_Achr7T18150_001	chr7	616,59	138,17	-2,16	Glucosidase 4-beta-mannosyltransferase 9	CSLA9
GSMUA_Achr3T25110_001	chr3	719,91	161,20	-2,16	Lipase, putative, expressed	LIP
GSMUA_Achr10T14140_001	chr10	2059,74	460,56	-2,16	Probable rhamnose biosynthetic enzyme 1	RHM1
GSMUA_Achr6T06060_001	chr6	303,30	67,73	-2,16	Heavy metal-associated domain containing protein, expressed	COPA
GSMUA_Achr5T21070_001	chr5	509,94	113,79	-2,16	Gdsl esterase/lipase at1g09390	AT1G09390
GSMUA_Achr6T19480_001	chr6	595,48	132,75	-2,17	Putative aspartic proteinase nepenthesin-2	NEP2
GSMUA_Achr4T32910_001	chr4	1438,71	319,68	-2,17	Alpha-1,4-glucan-protein synthase [udp-forming] 2	UPTG2
GSMUA_AchrUn_randomT25200_001	chrUn_random	249,97	55,54	-2,17	Phospholipid-transporting atpase 1	ALA1
GSMUA_Achr7T11160_001	chr7	2921,86	647,49	-2,17	Putative probable inactive receptor kinase at1g48480	RKL1
GSMUA_Achr7T18190_001	chr7	428,84	94,82	-2,18	Putative 125 kda kinesin-related protein	TKRP125
GSMUA_Achr1T14540_001	chr1	447,72	98,88	-2,18	Hypothetical protein	PDR1
GSMUA_Achr8T12560_001	chr8	301,07	66,37	-2,18	Putative protein breast cancer susceptibility 1 homolog	BRCA1
GSMUA_Achr2T14140_001	chr2	2896,30	638,01	-2,18	Atmin7, putative, expressed	ARFGEF1
GSMUA_Achr8T32210_001	chr8	639,92	140,88	-2,18	Probable peroxidase 61	PER61
GSMUA_Achr6T07490_001	chr6	1803,11	395,54	-2,19	Hypothetical protein	BMPER
GSMUA_Achr6T23180_001	chr6	506,60	111,08	-2,19	Kinesin motor domain containing protein, putative, expressed	KIF15
GSMUA_Achr7T17580_001	chr7	185,53	40,64	-2,19	Hypothetical protein	LYSK
GSMUA_AchrUn_randomT27690_001	chrUn_random	173,31	37,93	-2,19	Harpin-induced protein 1 domain containing protein, expressed	AT1G08160
GSMUA_Achr9T16770_001	chr9	1640,91	358,97	-2,19	Chitinase 10	CHT10
GSMUA_Achr10T21860_001	chr10	235,53	51,47	-2,19	Probable polygalacturonase	GSVIVT00026920001
GSMUA_Achr4T31330_001	chr4	304,41	66,37	-2,20	Expressed protein	TEPP
GSMUA_Achr10T10730_001	chr10	1007,65	219,44	-2,20	Beta-glucosidase 4	BGLU4
GSMUA_Achr8T29470_001	chr8	3810,63	829,01	-2,20	Alcohol dehydrogenase 1	ADH1
GSMUA_Achr6T19670_001	chr6	1040,98	226,22	-2,20	Protein kinase domain containing protein, expressed	AT1G06840
GSMUA_Achr9T25870_001	chr9	1236,51	268,21	-2,20	Putative lysosomal beta glucosidase	GLUA

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr3T11040_001	chr3	5311,56	1151,40	-2,21	Adp,atp carrier protein, mitochondrial	OS02G0718900
GSMUA_Achr9T26250_001	chr9	451,05	97,53	-2,21	Putative expressed protein	MDN1
GSMUA_Achr9T22790_001	chr9	526,60	113,79	-2,21	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase, chloroplastic	AT1G17745
GSMUA_Achr8T11730_001	chr8	583,26	125,98	-2,21	Kinesin motor domain containing protein, putative, expressed	KIF11
GSMUA_Achr6T31310_001	chr6	333,29	71,79	-2,21	Pla iiia/plp7, putative, expressed	PAT1-K2
GSMUA_Achr2T17070_001	chr2	188,87	40,64	-2,22	Putative cysteine-rich polycomb-like protein	LIN-54
GSMUA_Achr6T14560_001	chr6	302,18	65,02	-2,22	Peroxidase 52	PER52
GSMUA_Achr6T30520_001	chr6	188,87	40,64	-2,22	Putative probable fucosyltransferase 9	FUT9
GSMUA_Achr5T01800_001	chr5	593,26	127,33	-2,22	Bifunctional aspartokinase/homoserine dehydrogenase 1, chloroplastic	AKHSDH1
GSMUA_Achr1T14500_001	chr1	404,39	86,69	-2,22	Putative copper transport protein atox1 homolog	ATOX1
GSMUA_Achr7T12140_001	chr7	242,19	51,47	-2,23	Uncharacterized protein at5g12080	AT5G12080
GSMUA_Achr6T11400_001	chr6	204,42	43,35	-2,24	Endonuclease/exonuclease/phosphatase family domain containing protein, expressed	CVP2
GSMUA_AchrUn_randomT03950_001	chrUn_random	799,90	169,32	-2,24	3-ketoacyl-coa synthase 11	KCS11
GSMUA_Achr1T02140_001	chr1	565,48	119,20	-2,25	Putative probable e3 ubiquitin-protein ligase herc2	HERC2
GSMUA_Achr1T18700_001	chr1	999,87	209,96	-2,25	Oligopeptide transporter 7	OPT7
GSMUA_Achr8T13320_001	chr8	426,61	89,40	-2,25	Cyclin-b2-2	CYCB2-2
GSMUA_Achr9T15600_001	chr9	791,01	165,26	-2,26	U-box domain-containing protein 10	PUB10
GSMUA_Achr3T05770_001	chr3	479,94	100,24	-2,26	Pectinesterase 3	MPE3
GSMUA_Achr2T02950_001	chr2	162,20	33,86	-2,26	Probable 1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase 5	LPAT5
GSMUA_Achr10T14560_001	chr10	313,29	65,02	-2,27	Arabinogalactan peptide 16	AGP16
GSMUA_Achr3T17560_001	chr3	848,78	176,10	-2,27	Putative ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 15	UBP15
GSMUA_Achr8T02400_001	chr8	393,28	81,28	-2,27	Probable serine/threonine-protein kinase at5g41260	AT5G41260
GSMUA_Achr1T21240_001	chr1	433,28	89,40	-2,28	Putative pb1 domain containing protein, expressed	LOS-1
GSMUA_Achr11T15780_001	chr11	546,60	112,43	-2,28	Putative pectinesterase 3	PECS-1.1
GSMUA_Achr4T01580_001	chr4	289,96	59,60	-2,28	Fasciclin-like arabinogalactan protein 7	FLA7
GSMUA_Achr2T14910_001	chr2	673,25	138,17	-2,28	Transcription factor bhlh135	BHLH135

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr9T25860_001	chr9	522,16	107,01	-2,29	Periplasmic beta-glucosidase precursor, putative, expressed	GLUA
GSMUA_Achr8T22360_001	chr8	271,08	55,54	-2,29	Hypothetical protein	AT4G02110
GSMUA_Achr6T07900_001	chr6	304,41	62,31	-2,29	Nodulin, putative, expressed	YHJX
GSMUA_Achr3T14930_001	chr3	745,46	151,71	-2,30	Iq calmodulin-binding motif family protein, putative	IQD31
GSMUA_Achr11T01470_001	chr11	335,51	67,73	-2,31	Structural maintenance of chromosomes protein 2-1	SMC2-1
GSMUA_Achr10T29610_001	chr10	202,20	40,64	-2,31	Pyruvate dehydrogenase e1 component subunit alpha-1, mitochondrial	AT1G59900
GSMUA_Achr4T32860_001	chr4	377,73	75,86	-2,32	Putative expressed protein	CLGN
GSMUA_Achr8T23300_001	chr8	162,20	32,51	-2,32	Putative galactoside 2-alpha-l-fucosyltransferase	FT1
GSMUA_Achr7T14500_001	chr7	933,22	186,93	-2,32	Hypothetical protein	OS01G0233000
GSMUA_Achr6T05910_001	chr6	148,87	29,80	-2,32	Putative probable inactive receptor kinase rlk902	RLK902
GSMUA_Achr7T00290_001	chr7	3378,46	675,94	-2,32	L-ascorbate oxidase homolog	BP10
GSMUA_Achr11T19290_001	chr11	142,20	28,45	-2,32	Formin-like protein 1	FH1
GSMUA_Achr6T15160_001	chr6	284,41	56,89	-2,32	Uncharacterized protein at3g49720	AT3G49720
GSMUA_Achr6T02600_001	chr6	441,06	88,05	-2,32	Glucomannan 4-beta-mannosyltransferase 9	CSLA9
GSMUA_Achr11T09120_001	chr11	599,92	119,20	-2,33	Probable mannan synthase 9	CSLA9
GSMUA_AchrUn_randomT15900_001	chrUn_random	838,78	166,61	-2,33	Putative aspartic proteinase nepenthesin-1	NEP1
GSMUA_Achr4T10460_001	chr4	191,09	37,93	-2,33	Putative gata transcription factor 9	GATA9
GSMUA_Achr6T27930_001	chr6	477,72	94,82	-2,33	Putative probably inactive leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at3g28040	AT3G28040
GSMUA_Achr3T05890_001	chr3	1013,21	200,48	-2,34	3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase i, chloroplastic	KAS12
GSMUA_Achr3T20620_001	chr3	1280,95	253,31	-2,34	Oxidoreductase, 2og-feii oxygenase domain containing protein, putative, expressed	2OX2
GSMUA_Achr4T26830_001	chr4	205,53	40,64	-2,34	Hypothetical protein	TPRP-F1
GSMUA_Achr9T08850_001	chr9	1647,57	325,10	-2,34	Actin	ACT3
GSMUA_Achr5T04860_001	chr5	226,64	44,70	-2,34	Edr2, putative, expressed	ATG20
GSMUA_Achr10T12080_001	chr10	4046,16	797,85	-2,34	Obtusifoliol 14-alpha demethylase	CYP51
GSMUA_Achr3T10930_001	chr3	948,77	186,93	-2,34	Nb-arc/lrr disease resistance protein, putative, expressed	RGA2
GSMUA_Achr8T22920_001	chr8	722,13	142,23	-2,34	Probable xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein 28	XTH28

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr1T25490_001	chr1	441,06	86,69	-2,35	Expressed protein	ANTXRL
GSMUA_Achr1T23180_001	chr1	428,84	83,98	-2,35	Kinesin motor domain containing protein, expressed	KIF4
GSMUA_Achr10T11240_001	chr10	139,98	27,09	-2,37	Hypothetical protein	ZNF876P
GSMUA_Achr7T05800_001	chr7	701,02	135,46	-2,37	Kinesin motor domain containing protein, expressed	KIF4
GSMUA_Achr5T12310_001	chr5	3592,88	692,19	-2,38	Tubulin beta-1 chain	TUBB1
GSMUA_Achr2T07140_001	chr2	183,31	35,22	-2,38	Exonuclease, putative	EXO1
GSMUA_Achr7T21970_001	chr7	183,31	35,22	-2,38	Probable inactive receptor kinase at5g58300	AT5G58300
GSMUA_Achr9T01260_001	chr9	732,13	139,52	-2,39	Heavy metal-associated domain containing protein, expressed	COPA
GSMUA_Achr6T00580_001	chr6	612,15	116,49	-2,39	Hypothetical protein	AT2G25060
GSMUA_Achr4T05880_001	chr4	413,28	78,57	-2,40	Probable xyloglucan glycosyltransferase 5	CSLC5
GSMUA_AchrUn_randomT23020_001	chrUn_random	128,87	24,38	-2,40	Timeless protein, expressed	TIMELESS
GSMUA_Achr5T15040_001	chr5	272,19	51,47	-2,40	Lrr receptor-like serine/threonine-protein kinase fei 1	FEI1
GSMUA_Achr3T26450_001	chr3	122,21	23,03	-2,41	Retrotransposon protein, putative, ty3-gypsy subclass, expressed	LRX4
GSMUA_Achr9T23700_001	chr9	181,09	33,86	-2,42	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr1T00990_001	chr1	124,43	23,03	-2,43	Cysteine-rich repeat secretory protein 3	CRRSP3
GSMUA_Achr5T15750_001	chr5	264,41	48,77	-2,44	Peroxidase 44	PER44
GSMUA_Achr5T01260_001	chr5	397,73	73,15	-2,44	Putative protein ruptured pollen grain 1	RPG1
GSMUA_Achr5T11340_001	chr5	251,08	46,06	-2,45	65-kda microtubule-associated protein 3	MAP65-3
GSMUA_Achr6T16040_001	chr6	443,28	81,28	-2,45	Tubulin beta-2 chain	TUBB2
GSMUA_AchrUn_randomT21310_001	chrUn_random	199,97	36,57	-2,45	Somatic embryogenesis receptor kinase 1	SERK1
GSMUA_Achr1T19900_001	chr1	141,09	25,74	-2,45	Putative protein iq-domain 32	IQD32
GSMUA_AchrUn_randomT21690_001	chrUn_random	231,08	41,99	-2,46	Hypothetical protein	AROE
GSMUA_Achr7T11480_001	chr7	604,37	109,72	-2,46	Pectinesterase 3	PECS-1.1
GSMUA_Achr6T00880_001	chr6	526,60	94,82	-2,47	Beta-galactosidase	OS01G0580200
GSMUA_Achr6T30120_001	chr6	406,62	73,15	-2,47	Ergosterol biosynthetic protein 28	AT1G10030
GSMUA_Achr8T04970_001	chr8	324,40	58,25	-2,48	Growth-regulating factor, putative, expressed	MTRB

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr10T31460_001	chr10	369,95	66,37	-2,48	Putative expressed protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr10T08290_001	chr10	1019,87	182,87	-2,48	Kinesin motor domain containing protein, putative, expressed	KIF15-A
GSMUA_Achr4T27750_001	chr4	1339,83	239,76	-2,48	L-ascorbate oxidase homolog	BP10
GSMUA_Achr11T24740_001	chr11	166,65	29,80	-2,48	Omega-3 fatty acid desaturase, chloroplastic	FAD7
GSMUA_Achr10T16920_001	chr10	182,20	32,51	-2,49	Putative arginine decarboxylase	SPEA
GSMUA_Achr11T26280_001	chr11	153,31	27,09	-2,50	Putative sister chromatid cohesion protein pds5 homolog a	PDS5A
GSMUA_Achr2T18720_001	chr2	176,64	31,16	-2,50	Putative cysteine-rich repeat secretory protein 12	CRRSP12
GSMUA_Achr11T19900_001	chr11	131,09	23,03	-2,51	Expressed protein	DDB_G0286897
GSMUA_Achr3T30890_001	chr3	1452,04	254,66	-2,51	Putative myosin-j heavy chain	MYOJ
GSMUA_Achr8T25210_001	chr8	557,71	97,53	-2,52	Putative probable lrr receptor-like serine/threonine-protein kinase at4g37250	AT4G37250
GSMUA_Achr5T01810_001	chr5	139,98	24,38	-2,52	Hypothetical protein	AKHSDH2
GSMUA_Achr6T33300_001	chr6	124,43	21,67	-2,52	Hypothetical protein	AIRE
GSMUA_Achr11T16940_001	chr11	374,40	65,02	-2,53	Putative fatty acid 2-hydroxylase	FA2H
GSMUA_Achr3T22040_001	chr3	717,69	124,62	-2,53	Duf630/duf632 domains containing protein, putative, expressed	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr1T06170_001	chr1	619,92	107,01	-2,53	Kinesin motor domain containing protein, putative, expressed	KIFC3
GSMUA_Achr5T12550_001	chr5	219,97	37,93	-2,54	Putative dna2-like helicase	DNA2
GSMUA_AchrUn_randomT21700_001	chrUn_random	2798,54	480,88	-2,54	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr9T07340_001	chr9	268,86	46,06	-2,55	Kinesin motor domain containing protein, expressed	KIF15
GSMUA_Achr6T27760_001	chr6	253,30	43,35	-2,55	Putative probable receptor protein kinase tmk1	TMK1
GSMUA_Achr4T27460_001	chr4	151,09	25,74	-2,55	Putative expressed protein	TOP2A
GSMUA_Achr7T17480_001	chr7	255,52	43,35	-2,56	Putative peptide transporter ptr1	PTR1
GSMUA_Achr10T15450_001	chr10	695,47	116,49	-2,58	Glucomannan 4-beta-mannosyltransferase 9	CSLA9
GSMUA_Achr2T20450_001	chr2	211,08	35,22	-2,58	Exo70 exocyst complex subunit, putative, expressed	EXOC7
GSMUA_AchrUn_randomT00140_001	chrUn_random	6505,85	1085,02	-2,58	Phosphoethanolamine n-methyltransferase 1	NMT1
GSMUA_Achr3T14910_001	chr3	97,77	16,26	-2,59	Wd domain containing protein, putative, expressed	WDFY3
GSMUA_Achr7T00530_001	chr7	97,77	16,26	-2,59	Hypothetical protein	AT1G11820

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr9T24100_001	chr9	1510,92	249,24	-2,60	Expansin-a29	EXPA29
GSMUA_Achr9T06140_001	chr9	593,26	97,53	-2,60	Udp-glucose 4-epimerase gepi48	AT4G10960
GSMUA_Achr6T18370_001	chr6	173,31	28,45	-2,61	Formin-like protein 1	FH1
GSMUA_AchrUn_randomT07260_001	chrUn_random	264,41	43,35	-2,61	Phospholipase d delta	PLDDELTA
GSMUA_Achr3T30560_001	chr3	1265,40	207,25	-2,61	Putative cytokinin-o-glucosyltransferase 1	UGT73C1
GSMUA_Achr7T12080_001	chr7	148,87	24,38	-2,61	Putative disease resistance response protein 206	PI206
GSMUA_Achr7T04020_001	chr7	248,86	40,64	-2,61	Duf630/duf632 domains containing protein, putative, expressed	SPD-5
GSMUA_Achr10T08520_001	chr10	99,99	16,26	-2,62	Anthranilate phosphoribosyltransferase, putative, expressed	UNC13C
GSMUA_Achr3T03550_001	chr3	149,98	24,38	-2,62	Bzip transcription factor domain containing protein, expressed	RF2B
GSMUA_AchrUn_randomT03770_001	chrUn_random	242,19	39,28	-2,62	Zinc transporter 4, chloroplastic	ZIP4
GSMUA_Achr10T18860_001	chr10	606,59	97,53	-2,64	Homeobox-leucine zipper protein hox21	HOX21
GSMUA_Achr4T16780_001	chr4	472,16	75,86	-2,64	Leaf senescence related protein, putative, expressed	CASD1
GSMUA_AchrUn_randomT15890_001	chrUn_random	1216,51	195,06	-2,64	Hypothetical protein	NEP1
GSMUA_Achr6T22250_001	chr6	1155,41	184,22	-2,65	Polygalacturonase inhibitor 1	FOR1
GSMUA_Achr8T30810_001	chr8	724,35	115,14	-2,65	Putative probable receptor protein kinase tmk1	TMK1
GSMUA_Achr7T26610_001	chr7	187,75	29,80	-2,66	Hypothetical protein	BHLH151
GSMUA_Achr9T23120_001	chr9	515,49	81,28	-2,67	Heat repeat family protein, putative, expressed	TOR1
GSMUA_Achr9T25000_001	chr9	2992,96	470,04	-2,67	L-ascorbate oxidase homolog	BP10
GSMUA_AchrUn_randomT00640_001	chrUn_random	383,29	59,60	-2,68	Beta-glucosidase 4	BGLU4
GSMUA_Achr5T18020_001	chr5	842,12	130,04	-2,70	Putative anaphase-promoting complex subunit cdc20	CDC20
GSMUA_Achr7T14210_001	chr7	615,48	94,82	-2,70	Hypothetical protein	AT4G23740
GSMUA_Achr9T06650_001	chr9	105,54	16,26	-2,70	Zinc finger protein magpie	MGP
GSMUA_Achr2T17020_001	chr2	1813,11	277,69	-2,71	Expressed protein	ORF
GSMUA_Achr8T34300_001	chr8	336,62	51,47	-2,71	Probable xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase	XTH
GSMUA_Achr8T16150_001	chr8	1516,48	231,63	-2,71	Actin-7	ACT7
GSMUA_Achr3T07100_001	chr3	106,65	16,26	-2,71	F-box protein at1g10780	AT1G10780

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr6T10660_001	chr6	303,30	46,06	-2,72	Homeobox-leucine zipper protein hox21	HOX21
GSMUA_Achr9T12540_001	chr9	588,81	89,40	-2,72	Expressed protein	ADDB
GSMUA_Achr9T08840_001	chr9	285,52	43,35	-2,72	Histidine decarboxylase	HDC
GSMUA_Achr3T25160_001	chr3	1085,42	162,55	-2,74	Tpr repeat-containing thioredoxin ttl1	TTL1
GSMUA_Achr5T10650_001	chr5	1485,37	222,15	-2,74	Transmembrane amino acid transporter protein, putative, expressed	AVT1
GSMUA_AchrUn_randomT03530_001	chrUn_random	108,88	16,26	-2,74	Putative iq calmodulin-binding motif family protein, expressed	IQD31
GSMUA_AchrUn_randomT13360_001	chrUn_random	199,97	29,80	-2,75	Putative condensin complex subunit 1	NCAPD2
GSMUA_Achr7T05190_001	chr7	384,40	56,89	-2,76	Strubbeltig-receptor family 6 precursor, putative, expressed	AT1G07870
GSMUA_Achr7T03060_001	chr7	137,76	20,32	-2,76	Acyl-[acyl-carrier-protein] desaturase, chloroplastic	ACPD
GSMUA_AchrUn_randomT13720_001	chrUn_random	156,65	23,03	-2,77	Putative ()-delta-cadinene synthase	CDN1
GSMUA_Achr3T05310_001	chr3	1293,17	189,64	-2,77	Hypothetical protein	LRX1
GSMUA_Achr8T11230_001	chr8	251,08	36,57	-2,78	Putative probable allantoin permease	PUCI
GSMUA_Achr6T19890_001	chr6	261,08	37,93	-2,78	Putative disease resistance protein rga1	RGA1
GSMUA_Achr6T07810_001	chr6	253,30	36,57	-2,79	Snakin-1	SN1
GSMUA_Achr4T07570_001	chr4	282,19	40,64	-2,80	Putative myosin-j heavy chain	MYOJ
GSMUA_Achr2T04260_001	chr2	663,25	94,82	-2,81	Putative probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at5g61480	AT5G61480
GSMUA_Achr11T17150_001	chr11	503,27	71,79	-2,81	Putative probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at5g61480	AT5G61480
GSMUA_Achr6T13230_001	chr6	133,32	18,96	-2,81	Glucan endo-1,3-beta-glucosidase 14	AT2G27500/F10A12.18
GSMUA_Achr4T06950_001	chr4	114,43	16,26	-2,82	Wd domain, g-beta repeat domain containing protein, expressed	DTL
GSMUA_Achr4T10900_001	chr4	1117,64	158,49	-2,82	Putative btb/poz domain-containing protein at1g30440	AT1G30440
GSMUA_Achr10T21720_001	chr10	1045,42	147,65	-2,82	Tpr repeat-containing thioredoxin ttl1	TTL1
GSMUA_Achr6T29370_001	chr6	115,54	16,26	-2,83	Polyphenol oxidase, chloroplastic	CO-2
GSMUA_Achr9T29910_001	chr9	164,42	23,03	-2,84	Probable galacturonosyltransferase 10	GAUT10
GSMUA_Achr9T19960_001	chr9	367,73	51,47	-2,84	Methyladenine glycosylase, putative, expressed	GUAA
GSMUA_Achr5T19890_001	chr5	1897,54	265,50	-2,84	Monocopper oxidase-like protein sku5	SKU5
GSMUA_Achr11T03330_001	chr11	815,45	113,79	-2,84	Laccase-6	LAC6

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr6T19470_001	chr6	77,77	10,84	-2,84	Putative duf623 domain containing protein, expressed	PKNG
GSMUA_Achr9T04720_001	chr9	77,77	10,84	-2,84	Putative wound-induced protein 1	WUN1
GSMUA_Achr5T29560_001	chr5	471,05	65,02	-2,86	Predicted protein	AIM38
GSMUA_Achr11T02300_001	chr11	531,04	73,15	-2,86	Probable pectate lyase 15	AT4G13710
GSMUA_Achr11T13970_001	chr11	503,27	69,08	-2,86	Putative probable polygalacturonase	GSVIVT00026920001
GSMUA_Achr11T24540_001	chr11	276,63	37,93	-2,87	Putative probable lrr receptor-like serine/threonine-protein kinase atg05700	AT1G05700
GSMUA_Achr6T26930_001	chr6	865,45	117,85	-2,88	Bzip transcription factor domain containing protein, expressed	RF2A
GSMUA_Achr3T28000_001	chr3	1035,43	140,88	-2,88	Probable xyloglucan glycosyltransferase 5	CSLC5
GSMUA_Achr2T00590_001	chr2	508,83	69,08	-2,88	Putative uncharacterized protein	AT2G25060
GSMUA_Achr4T23070_001	chr4	79,99	10,84	-2,88	Putative transcription factor bhlh25	BHLH25
GSMUA_Achr7T26470_001	chr7	79,99	10,84	-2,88	Putative tRNA guanosine-2'-o-methyltransferase	TRMH
GSMUA_Achr10T17040_001	chr10	726,58	97,53	-2,90	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr1T26640_001	chr1	91,10	12,19	-2,90	Heat repeat family protein, putative, expressed	NCAPD3
GSMUA_Achr11T15650_001	chr11	71,10	9,48	-2,91	Two-component response regulator arr9	ARR9
GSMUA_Achr8T11180_001	chr8	264,41	35,22	-2,91	Nitrate transporter 1.1	NRT1.1
GSMUA_Achr11T21150_001	chr11	311,07	40,64	-2,94	Sphingolipid delta(4)-desaturase des1	DEGS1
GSMUA_Achr8T09610_001	chr8	2308,60	300,72	-2,94	Putative aspartic proteinase nepenthesin-1	NEP1
GSMUA_Achr3T10830_001	chr3	447,72	58,25	-2,94	Predicted protein	ATK4
GSMUA_Achr7T15100_001	chr7	333,29	43,35	-2,94	Expansin-a4	EXPA4
GSMUA_Achr2T06840_001	chr2	253,30	32,51	-2,96	Putative bifunctional monodehydroascorbate reductase and carbonic anhydrase nectarin-3	NEC3
GSMUA_Achr6T19030_001	chr6	63,33	8,13	-2,96	Kinesin-1	ATK1
GSMUA_Achr9T18510_001	chr9	84,43	10,84	-2,96	Putative helix-loop-helix dna-binding domain containing protein, expressed	BHLH49
GSMUA_Achr8T26460_001	chr8	561,04	71,79	-2,97	Putative helix-loop-helix dna-binding domain containing protein, expressed	BHLH25
GSMUA_Achr3T20890_001	chr3	191,09	24,38	-2,97	Ser/thr receptor-like kinase, putative, expressed	AT5G39030

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr5T02940_001	chr5	191,09	24,38	-2,97	Type i inositol-1,4,5-trisphosphate 5-phosphatase cvp2	CVP2
GSMUA_Achr5T27990_001	chr5	127,76	16,26	-2,97	Basic helix-loop-helix domain containing protein, expressed	SCRM2
GSMUA_Achr6T26920_001	chr6	203,31	25,74	-2,98	Retrotransposon protein, putative, unclassified	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr8T16810_001	chr8	64,44	8,13	-2,99	Dna repair protein rad51 homolog	RAD51
GSMUA_Achr3T14040_001	chr3	86,66	10,84	-3,00	Putative zinc knuckle domain containing protein, expressed	TIPIN
GSMUA_Achr4T26900_001	chr4	86,66	10,84	-3,00	Probable pectinesterase 68	PME68
GSMUA_Achr6T04580_001	chr6	532,16	66,37	-3,00	Early nodulin-93	INFB
GSMUA_Achr6T01230_001	chr6	349,96	43,35	-3,01	Nodulin, putative, expressed	MCH1
GSMUA_Achr3T31390_001	chr3	111,10	13,55	-3,04	Bzip transcription factor domain containing protein, expressed	RF2A
GSMUA_Achr8T30840_001	chr8	278,85	33,86	-3,04	Probable xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein 28	XTH28
GSMUA_Achr1T06510_001	chr1	799,90	96,18	-3,06	Putative probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at5g61480	AT5G61480
GSMUA_Achr11T26650_001	chr11	362,18	43,35	-3,06	Putative abc transporter c family member 5	ABCC5
GSMUA_Achr5T29350_001	chr5	2424,14	284,46	-3,09	Omega-3 fatty acid desaturase, chloroplastic	FAD7A-1
GSMUA_Achr11T12570_001	chr11	2163,06	249,24	-3,12	Actin-7	ACT7
GSMUA_Achr5T25700_001	chr5	117,76	13,55	-3,12	Probable transcription factor posf21	POSF21
GSMUA_Achr8T34310_001	chr8	71,10	8,13	-3,13	Uridine kinase-like protein 4	UKL4
GSMUA_Achr7T19950_001	chr7	3565,11	406,38	-3,13	Gasa-like protein	SN2
GSMUA_Achr2T10960_001	chr2	1772,00	201,83	-3,13	Defensin-like protein	PDF2.3
GSMUA_Achr8T01970_001	chr8	502,16	56,89	-3,14	Rna recognition motif containing protein, putative, expressed	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr4T25790_001	chr4	652,14	73,15	-3,16	Prolyl endopeptidase	PREP
GSMUA_Achr3T17370_001	chr3	85,54	9,48	-3,17	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr11T08980_001	chr11	173,31	18,96	-3,19	Methyltransferase domain containing protein	ERD3
GSMUA_Achr1T00120_001	chr1	161,09	17,61	-3,19	Expansin-b16	EXPB16
GSMUA_Achr2T10950_001	chr2	263,30	28,45	-3,21	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr10T20140_001	chr10	388,84	41,99	-3,21	Auxin-induced protein 5ng4	RDR4
GSMUA_Achr4T29540_001	chr4	213,31	23,03	-3,21	Monocopper oxidase-like protein sku5	SKU5

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr7T06850_001	chr7	75,55	8,13	-3,22	Putative uncharacterized protein at1g28695	AT1G28695
GSMUA_Achr4T03070_001	chr4	63,33	6,77	-3,22	Putative polyneuridine-aldehyde esterase	PNAE
GSMUA_Achr8T24380_001	chr8	51,10	5,42	-3,24	Putative expressed protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr6T00460_001	chr6	77,77	8,13	-3,26	Glutamate receptor 3.4	GLR3.4
GSMUA_Achr3T02960_001	chr3	1000,99	104,30	-3,26	Actin	ACT7
GSMUA_Achr3T27180_001	chr3	377,73	39,28	-3,27	Pyruvate kinase, cytosolic isozyme	AT4G26390
GSMUA_Achr8T26140_001	chr8	52,22	5,42	-3,27	Hypothetical protein	LRX4
GSMUA_Achr11T24620_001	chr11	527,71	54,18	-3,28	Rna recognition motif containing protein, putative, expressed	RBM38
GSMUA_Achr3T09290_001	chr3	134,43	13,55	-3,31	Nbs-lrr type disease resistance protein, putative, expressed	RGA1
GSMUA_Achr10T26770_001	chr10	55,55	5,42	-3,36	Hypothetical protein	CADA
GSMUA_Achr2T10970_001	chr2	139,98	13,55	-3,37	Expressed protein	SS1
GSMUA_Achr2T03520_001	chr2	619,92	59,60	-3,38	Expansin-a1	EXPA1
GSMUA_Achr9T06540_001	chr9	268,86	25,74	-3,38	Putative uncharacterized protein	RF2A
GSMUA_Achr7T25310_001	chr7	113,32	10,84	-3,39	Bzip transcription factor domain containing protein, expressed	RF2A
GSMUA_Achr1T13320_001	chr1	57,77	5,42	-3,41	Aaa-type atpase family protein, putative, expressed	DNAZ
GSMUA_Achr5T28860_001	chr5	57,77	5,42	-3,41	Putative uncharacterized protein c757.02c	SPCC757.02C
GSMUA_Achr8T32140_001	chr8	132,21	12,19	-3,44	Pto-interacting protein 1	PTI1
GSMUA_Achr8T16620_001	chr8	164,42	14,90	-3,46	Probable nad(p)h-dependent oxidoreductase 1	OS10G0113000
GSMUA_Achr6T13160_001	chr6	1047,65	94,82	-3,47	Beta-fructofuranosidase, insoluble isoenzyme	MACINV6
GSMUA_Achr4T02480_001	chr4	209,97	18,96	-3,47	Kh domain-containing protein at2g38610	AT2G38610
GSMUA_Achr11T24610_001	chr11	61,10	5,42	-3,50	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr9T19800_001	chr9	62,21	5,42	-3,52	Nb-arc/lrr disease resistance protein, putative, expressed	RGA2
GSMUA_Achr2T02840_001	chr2	1039,87	89,40	-3,54	Expressed protein	PGI
GSMUA_Achr2T10980_001	chr2	315,52	27,09	-3,54	Remorin family protein, putative, expressed	AT3G61260
GSMUA_Achr6T06030_001	chr6	64,44	5,42	-3,57	Putative uncharacterized protein	SPL16
GSMUA_Achr8T23360_001	chr8	258,86	21,67	-3,58	Expressed protein	ARGR

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr10T19460_001	chr10	162,20	13,55	-3,58	Putative ethylene-responsive transcription factor erf012	ERF012
GSMUA_Achr7T04910_001	chr7	66,66	5,42	-3,62	Putative protein strubbelg-receptor family 5	SRF5
GSMUA_Achr4T17500_001	chr4	1819,77	144,94	-3,65	Putative cucumisin	XSP1
GSMUA_Achr11T16760_001	chr11	784,35	62,31	-3,65	Putative dehydrin cor410	COR410
GSMUA_Achr3T27030_001	chr3	378,84	29,80	-3,67	Utp--glucose-1-phosphate uridylyltransferase	UGPA
GSMUA_Achr4T07600_001	chr4	71,10	5,42	-3,71	Putative expressed protein	SIGMAR1
GSMUA_Achr3T05270_001	chr3	72,21	5,42	-3,74	Putative whole genome shotgun sequence of line pn40024, scaffold_16.assembly12x (fragment)	MYO3A
GSMUA_Achr8T09230_001	chr8	164,42	12,19	-3,75	Putative protein ruptured pollen grain 1	RPG1
GSMUA_Achr3T03630_001	chr3	73,32	5,42	-3,76	Putative ethylene-responsive transcription factor wri1	WRI1
GSMUA_Achr9T22880_001	chr9	73,32	5,42	-3,76	Putative uncharacterized protein at4g30180	AT4G30180
GSMUA_Achr6T33270_001	chr6	111,10	8,13	-3,77	Putative probable lrr receptor-like serine/threonine-protein kinase at1g05700	AT1G05700
GSMUA_Achr11T07630_001	chr11	37,77	2,71	-3,80	Putative whole genome shotgun sequence of line pn40024, scaffold_4.assembly12x (fragment)	BLH8
GSMUA_Achr11T26330_001	chr11	113,32	8,13	-3,80	Beta-galactosidase 7	OS05G0428100
GSMUA_Achr9T00830_001	chr9	37,77	2,71	-3,80	Putative glucan endo-1,3-beta-glucosidase giv	AT5G56590
GSMUA_Achr5T19260_001	chr5	152,20	10,84	-3,81	Cytokinin dehydrogenase 3	CKX3
GSMUA_Achr7T21070_001	chr7	1413,16	100,24	-3,82	Probable mannan synthase 9	CSLA9
GSMUA_Achr8T15090_001	chr8	1722,01	119,20	-3,85	Hypothetical protein	HRS
GSMUA_Achr5T10500_001	chr5	99,99	6,77	-3,88	Cytochrome p450 87a3	CYP87A3
GSMUA_Achr5T16570_001	chr5	79,99	5,42	-3,88	Zinc finger family protein, putative, expressed	RNF103
GSMUA_Achr4T21240_001	chr4	82,21	5,42	-3,92	Type i inositol-1,4,5-trisphosphate 5-phosphatase cvp2	CVP2
GSMUA_Achr10T20240_001	chr10	42,22	2,71	-3,96	Putative uncharacterized gpi-anchored protein at4g28100	AT4G28100
GSMUA_Achr6T27290_001	chr6	42,22	2,71	-3,96	Myb-related protein 305	MYB305
GSMUA_AchrUn_randomT11900_001	chrUn_random	42,22	2,71	-3,96	Transcription factor bhlh135	BHLH135
GSMUA_Achr4T24710_001	chr4	693,25	43,35	-4,00	Probable methyltransferase pmt18	AT1G33170
GSMUA_Achr7T14270_001	chr7	131,09	8,13	-4,01	Aaa-type atpase family protein, putative, expressed	SPAST

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr1T08500_001	chr1	1149,86	67,73	-4,09	Probable xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein 8	XTH8
GSMUA_Achr3T13810_001	chr3	46,66	2,71	-4,11	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr3T21440_001	chr3	189,98	10,84	-4,13	Transcription factor bhlh135	BHLH135
GSMUA_Achr1T03220_001	chr1	96,65	5,42	-4,16	Hypothetical protein	GA18377
GSMUA_Achr2T02480_001	chr2	97,77	5,42	-4,17	Coproporphyrinogen-iii oxidase, chloroplastic	CPX
GSMUA_Achr3T27990_001	chr3	48,88	2,71	-4,17	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase, chloroplastic	AT1G17745
GSMUA_Achr1T21450_001	chr1	102,21	5,42	-4,24	Expressed protein	ago/61
GSMUA_Achr7T12620_001	chr7	52,22	2,71	-4,27	Putative aspartic proteinase nepenthesin-1	NEP1
GSMUA_Achr7T20280_001	chr7	54,44	2,71	-4,33	Putative benzoate carboxyl methyltransferase	BAMT
GSMUA_Achr11T08710_001	chr11	277,74	10,84	-4,68	Kelch repeat-containing protein at3g27220	AT3G27220
GSMUA_Achr10T20230_001	chr10	35,55	1,35	-4,71	Whole genome shotgun sequence of line pn40024, scaffold_6.assembly12x (fragment)	BHLH83
GSMUA_Achr2T09410_001	chr2	71,10	2,71	-4,71	Carotenoid cleavage dioxygenase 8, chloroplastic	CCD8
GSMUA_AchrUn_randomT12090_001	chrUn_random	144,43	5,42	-4,74	Hypoxia-responsive family protein, putative, expressed	AIM38
GSMUA_Achr2T11470_001	chr2	146,65	5,42	-4,76	Protein transport protein-related, putative, expressed	CLIP1
GSMUA_Achr4T32480_001	chr4	36,66	1,35	-4,76	At1g49510	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr7T03520_001	chr7	75,55	2,71	-4,80	Putative expressed protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr8T09980_001	chr8	77,77	2,71	-4,84	Putative receptor-like protein kinase theseus 1	THE1
GSMUA_Achr9T01490_001	chr9	555,49	18,96	-4,87	Pleiotropic drug resistance protein 4	PDR4
GSMUA_Achr7T24030_001	chr7	83,32	2,71	-4,94	Ar791, putative, expressed	CHUP1
GSMUA_Achr2T07410_001	chr2	91,10	2,71	-5,07	Transcription factor bhlh135	BHLH135
GSMUA_Achr9T05860_001	chr9	279,96	8,13	-5,11	Dehydration-responsive element-binding protein 3	DREB3
GSMUA_Achr6T04570_001	chr6	326,63	8,13	-5,33	Early nodulin-93	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr10T21360_001	chr10	0,00	14,90	Inf	Nudix hydrolase 8	NUDT8
GSMUA_Achr10T22130_001	chr10	0,00	16,26	Inf	Pentatricopeptide repeat-containing protein at2g32230, mitochondrial	AT2G32230
GSMUA_Achr10T22670_001	chr10	0,00	10,84	Inf	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr10T23660_001	chr10	0,00	13,55	Inf	Putative flavonoid 3-o-glucosyltransferase	UGT78D2

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr10T25370_001	chr10	0,00	10,84	Inf	Protein binding protein, putative, expressed	MARCH8
GSMUA_Achr10T26710_001	chr10	0,00	20,32	Inf	Hypothetical protein	PCMP-E50
GSMUA_Achr10T28390_001	chr10	0,00	27,09	Inf	Putative cytokinin-o-glucosyltransferase 1	UGT73C1
GSMUA_Achr11T01820_001	chr11	0,00	13,55	Inf	Putative uncharacterized protein sb04g027000	EBF2
GSMUA_Achr11T02540_001	chr11	0,00	10,84	Inf	Cct motif family protein, expressed	COL4
GSMUA_Achr11T08280_001	chr11	0,00	29,80	Inf	Putative dihydroflavonol-4-reductase	A
GSMUA_Achr11T13080_001	chr11	0,00	12,19	Inf	Hypothetical protein	MYB306
GSMUA_Achr11T15680_001	chr11	0,00	17,61	Inf	Early-responsive to dehydration protein-related, putative, expressed	SPAC2G11.09
GSMUA_Achr11T17460_001	chr11	0,00	17,61	Inf	Arginine-serine-rich-splicing factor rsp41	RSP41
GSMUA_Achr11T21210_001	chr11	0,00	10,84	Inf	Protein transport protein-related, putative, expressed	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr11T21500_001	chr11	0,00	21,67	Inf	Hydrolase, alpha/beta fold family protein, putative, expressed	DAPA
GSMUA_Achr11T22770_001	chr11	0,00	18,96	Inf	Putative abc transporter	QUEC
GSMUA_Achr11T25590_001	chr11	0,00	16,26	Inf	Expressed protein	ABCB8
GSMUA_Achr1T01310_001	chr1	0,00	12,19	Inf	Putative transporter arsb	ARSB
GSMUA_Achr1T03390_001	chr1	0,00	10,84	Inf	Tms membrane protein/tumour differentially expressed protein, putative, expressed	SERINC
GSMUA_Achr1T03680_001	chr1	0,00	10,84	Inf	Predicted protein	BEL1
GSMUA_Achr1T05000_001	chr1	0,00	16,26	Inf	Hypothetical protein	RD22
GSMUA_Achr1T13050_001	chr1	0,00	29,80	Inf	Expressed protein	YCL073C
GSMUA_Achr1T14470_001	chr1	0,00	10,84	Inf	Hypothetical protein	RLMG
GSMUA_Achr1T15320_001	chr1	0,00	10,84	Inf	Polcalcin cyn d 7	SYRV3
GSMUA_Achr1T16870_001	chr1	0,00	16,26	Inf	Expressed protein	FUSA
GSMUA_Achr1T17360_001	chr1	0,00	17,61	Inf	Hypothetical protein	ATL57
GSMUA_Achr1T23220_001	chr1	0,00	41,99	Inf	Myb family transcription factor, putative, expressed	ARR2
GSMUA_Achr1T24250_001	chr1	0,00	325,10	Inf	Hypothetical protein	MJ1232
GSMUA_Achr1T27820_001	chr1	0,00	35,22	Inf	Amino acid permease family protein, putative, expressed	SLC7A13
GSMUA_Achr2T04970_001	chr2	0,00	18,96	Inf	Atp binding protein, putative, expressed	AT1G53420

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr2T08650_001	chr2	0,00	37,93	Inf	Fad-binding and arabino-lactone oxidase domains containing protein, putative, expressed	ALO-1
GSMUA_Achr2T14790_001	chr2	0,00	27,09	Inf	Uncharacterized glycosyl hydrolase rv2006/mt2062, putative, expressed	OTSB
GSMUA_Achr2T18090_001	chr2	0,00	17,61	Inf	Putative myb-related protein zm1	MYB4
GSMUA_Achr2T22350_001	chr2	0,00	16,26	Inf	Hypothetical protein	QDR1
GSMUA_Achr3T02380_001	chr3	0,00	24,38	Inf	Putative predicted protein	BCHL
GSMUA_Achr3T06230_001	chr3	0,00	12,19	Inf	Hypothetical protein	HPCH
GSMUA_Achr3T08280_001	chr3	0,00	18,96	Inf	Putative expressed protein	MURC
GSMUA_Achr3T10540_001	chr3	0,00	18,96	Inf	Putative cytochrome p450 71a9	CYP71A9
GSMUA_Achr3T11000_001	chr3	0,00	13,55	Inf	Hypothetical protein	RTCA
GSMUA_Achr3T12030_001	chr3	0,00	12,19	Inf	Hypothetical protein	WNT11
GSMUA_Achr3T12600_001	chr3	0,00	32,51	Inf	Hypothetical protein	CG14100
GSMUA_Achr3T18170_001	chr3	0,00	10,84	Inf	Putative multidrug and toxin extrusion protein 1	SLC47A1
GSMUA_Achr3T18700_001	chr3	0,00	13,55	Inf	Putative protein ruptured pollen grain 1	RPG1
GSMUA_Achr3T19530_001	chr3	0,00	13,55	Inf	Putative cytochrome p450 94a1	CYP94A1
GSMUA_Achr3T21400_001	chr3	0,00	13,55	Inf	Amine oxidase family protein, putative, expressed	PDS
GSMUA_Achr3T22630_001	chr3	0,00	13,55	Inf	Putative hemerythrin family protein, expressed	RPOC
GSMUA_Achr3T25050_001	chr3	0,00	31,16	Inf	Magnesium-protoporphyrin ix monomethyl ester [oxidative] cyclase, chloroplastic	CRD1
GSMUA_Achr3T31270_001	chr3	0,00	21,67	Inf	Hypothetical protein	CYP72A1
GSMUA_Achr4T02720_001	chr4	0,00	27,09	Inf	Expressed protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr4T02970_001	chr4	0,00	27,09	Inf	Retrotransposon protein, putative, unclassified, expressed	AT2G36330
GSMUA_Achr4T05510_001	chr4	0,00	13,55	Inf	Hypothetical protein	PT15
GSMUA_Achr4T08850_001	chr4	0,00	10,84	Inf	Hypothetical protein	CHUP1
GSMUA_Achr4T08880_001	chr4	0,00	14,90	Inf	Hypothetical protein	WRKY50
GSMUA_Achr4T09840_001	chr4	0,00	16,26	Inf	3-hydroxy-3-methylglutaryl-coenzyme a reductase 3	HMG3

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr4T10580_001	chr4	0,00	27,09	Inf	Expressed protein	DOST
GSMUA_Achr4T13870_001	chr4	0,00	16,26	Inf	Putative photosystem ii 5 kda protein, chloroplastic	PSBT
GSMUA_Achr4T14020_001	chr4	0,00	10,84	Inf	Flavin monooxygenase, putative, expressed	FMO4
GSMUA_Achr4T15300_001	chr4	0,00	12,19	Inf	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr4T19020_001	chr4	0,00	67,73	Inf	Putative probable carotenoid cleavage dioxygenase 4, chloroplastic	CCD4
GSMUA_Achr4T22950_001	chr4	0,00	18,96	Inf	Hypothetical protein	DXR
GSMUA_Achr4T25010_001	chr4	0,00	29,80	Inf	Photosystem i reaction center subunit iv, chloroplastic	PSAE
GSMUA_Achr4T26300_001	chr4	0,00	10,84	Inf	Putative transporter arsb	ARSB
GSMUA_Achr4T28660_001	chr4	0,00	13,55	Inf	Putative uncharacterized protein c5h10.03	SPAC5H10.03
GSMUA_Achr4T29420_001	chr4	0,00	16,26	Inf	Putative pollen-specific protein sf3	SF3
GSMUA_Achr4T30170_001	chr4	0,00	13,55	Inf	Hypothetical protein	OS03G0120900
GSMUA_Achr4T30740_001	chr4	0,00	12,19	Inf	Putative subtilisin-like protease	ARA12
GSMUA_Achr4T31110_001	chr4	0,00	13,55	Inf	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr4T33610_001	chr4	0,00	37,93	Inf	Putative uncharacterized protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr5T00070_001	chr5	0,00	28,45	Inf	Putative expressed protein	THRS
GSMUA_Achr5T01470_001	chr5	0,00	10,84	Inf	Putative ninja-family protein afp2	AFP2
GSMUA_Achr5T03810_001	chr5	0,00	10,84	Inf	Alternative oxidase 1a, mitochondrial	AOX1A
GSMUA_Achr5T04570_001	chr5	0,00	10,84	Inf	Tropinone reductase 2, putative, expressed	AT1G07440
GSMUA_Achr5T06190_001	chr5	0,00	21,67	Inf	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr5T06530_001	chr5	0,00	12,19	Inf	Transcription repressor myb5	MYB5
GSMUA_Achr5T10190_001	chr5	0,00	10,84	Inf	40s ribosomal protein s17-2	RPS17B
GSMUA_Achr5T11200_001	chr5	0,00	10,84	Inf	Hypothetical protein	MEND
GSMUA_Achr5T11600_001	chr5	0,00	12,19	Inf	Putative expressed protein	ARGC
GSMUA_Achr5T14780_001	chr5	0,00	56,89	Inf	Photosystem i reaction center subunit ii, chloroplastic	PSAD
GSMUA_Achr5T14860_001	chr5	0,00	18,96	Inf	Putative expressed protein	DNAJ
GSMUA_Achr5T15360_001	chr5	0,00	13,55	Inf	Putative expressed protein	PSAA
GSMUA_Achr5T16210_001	chr5	0,00	12,19	Inf	Putative wall-associated receptor kinase 3	WAK3

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr5T17720_001	chr5	0,00	40,64	Inf	Hypothetical protein	AT2G37220
GSMUA_Achr5T20350_001	chr5	0,00	18,96	Inf	Putative heavy metal-associated domain containing protein, expressed	CADA
GSMUA_Achr5T21090_001	chr5	0,00	16,26	Inf	Myb-related protein 305	MYB305
GSMUA_Achr5T22000_001	chr5	0,00	21,67	Inf	Hypothetical protein	OS04G0281900
GSMUA_Achr5T22010_001	chr5	0,00	10,84	Inf	Putative transcription factor	TIFY3B
GSMUA_Achr5T23360_001	chr5	0,00	21,67	Inf	Transcription factor bhlh135	BHLH135
GSMUA_Achr5T27060_001	chr5	0,00	37,93	Inf	Putative whole genome shotgun sequence of line pn40024, scaffold_77.assembly12x (fragment)	IE1
GSMUA_Achr5T28350_001	chr5	0,00	44,70	Inf	Myb-related protein mybas1	MYBAS1
GSMUA_Achr5T28900_001	chr5	0,00	14,90	Inf	Auxin transporter-like protein 1	OS01G0856500
GSMUA_Achr5T29140_001	chr5	0,00	18,96	Inf	Predicted protein	ZFP4
GSMUA_Achr6T00550_001	chr6	0,00	92,11	Inf	Probable galacturonosyltransferase 12	GAUT12
GSMUA_Achr6T04230_001	chr6	0,00	10,84	Inf	Alpha/beta hydrolase fold, putative, expressed	GID1L1
GSMUA_Achr6T04700_001	chr6	0,00	16,26	Inf	Putative uncharacterized protein at1g15400	AT1G15400
GSMUA_Achr6T04750_001	chr6	0,00	13,55	Inf	Agenet domain containing protein, putative, expressed	EMSY
GSMUA_Achr6T09710_001	chr6	0,00	31,16	Inf	Ribulose bisphosphate carboxylase small chain, chloroplastic	RBCS1
GSMUA_Achr6T12720_001	chr6	0,00	16,26	Inf	Probable protein phosphatase 2c 77	OS12G0198200
GSMUA_Achr6T20670_001	chr6	0,00	24,38	Inf	Putative cytochrome p450 78a4	CYP78A4
GSMUA_Achr6T21070_001	chr6	0,00	10,84	Inf	Putative plant-specific domain tigr01615 family protein, expressed	LOLD
GSMUA_Achr6T27000_001	chr6	0,00	43,35	Inf	Putative nac domain-containing protein 8	NAC008
GSMUA_Achr6T27520_001	chr6	0,00	16,26	Inf	Hypothetical protein	SPL13
GSMUA_Achr6T28310_001	chr6	0,00	24,38	Inf	Putative predicted protein	ILVC
GSMUA_Achr6T29580_001	chr6	0,00	16,26	Inf	Cbs domain containing membrane protein, putative, expressed	SNF4
GSMUA_Achr6T34230_001	chr6	0,00	13,55	Inf	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr6T36000_001	chr6	0,00	13,55	Inf	Putative photosystem ii 22 kda protein, chloroplastic	PSBS
GSMUA_Achr7T00390_001	chr7	0,00	10,84	Inf	Putative expressed protein	NEUR
GSMUA_Achr7T05220_001	chr7	0,00	10,84	Inf	Hypothetical protein	LUTC

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr7T06370_001	chr7	0,00	13,55	Inf	Hypothetical protein	APL
GSMUA_Achr7T09730_001	chr7	0,00	18,96	Inf	Putative homeobox-leucine zipper protein hat5	HAT5
GSMUA_Achr7T14230_001	chr7	0,00	13,55	Inf	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr7T15780_001	chr7	0,00	10,84	Inf	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr7T18250_001	chr7	0,00	16,26	Inf	Emb-1 protein	EMB-1
GSMUA_Achr7T18400_001	chr7	0,00	13,55	Inf	Whole genome shotgun sequence of line pn40024, scaffold_1547.assembly12x (fragment)	GLNE
GSMUA_Achr7T18840_001	chr7	0,00	35,22	Inf	Ossaur12 - auxin-responsive saur gene family member, expressed	ARG7
GSMUA_Achr7T19350_001	chr7	0,00	13,55	Inf	Hypothetical protein	SORCS1
GSMUA_Achr7T19720_001	chr7	0,00	10,84	Inf	Protein kinase apk1a, chloroplastic	APK1A
GSMUA_Achr7T19970_001	chr7	0,00	10,84	Inf	Hypothetical protein	E1
GSMUA_Achr7T25720_001	chr7	0,00	20,32	Inf	Putative myrcene synthase, chloroplastic	ISPS
GSMUA_Achr8T03650_001	chr8	0,00	10,84	Inf	Putative cysteine-rich receptor-like protein kinase 25	CRK25
GSMUA_Achr8T05110_001	chr8	0,00	16,26	Inf	Hypothetical protein	OSH1
GSMUA_Achr8T12950_001	chr8	0,00	16,26	Inf	Thaumatin-like protein (fragment)	TL1
GSMUA_Achr8T14050_001	chr8	0,00	10,84	Inf	Hypothetical protein	F22B7.1
GSMUA_Achr8T15120_001	chr8	0,00	16,26	Inf	Putative mannose/glucose-specific lectin (fragment)	NSP4
GSMUA_Achr8T25190_001	chr8	0,00	12,19	Inf	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr8T25680_001	chr8	0,00	18,96	Inf	Tonoplast dicarboxylate transporter	TDT
GSMUA_Achr8T28790_001	chr8	0,00	13,55	Inf	Putative predicted protein	MCF2L
GSMUA_Achr8T30430_001	chr8	0,00	10,84	Inf	Putative ring-h2 finger protein atl78	ATL78
GSMUA_Achr8T31510_001	chr8	0,00	10,84	Inf	Ent-copalyl diphosphate synthase 1, chloroplastic	CPS1
GSMUA_Achr8T33380_001	chr8	0,00	10,84	Inf	Hypothetical protein	OS02G0491600
GSMUA_Achr9T02810_001	chr9	0,00	16,26	Inf	Chlorophyll a-b binding protein cp29.2, chloroplastic	LHCB4.2
GSMUA_Achr9T09420_001	chr9	0,00	24,38	Inf	Cyclic nucleotide-gated ion channel 2	CNGC2
GSMUA_Achr9T10340_001	chr9	0,00	17,61	Inf	Putative protein tify 5a	TIFY5A
GSMUA_Achr9T14330_001	chr9	0,00	18,96	Inf	Hypothetical protein	DESCONHECIDO

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr9T14690_001	chr9	0,00	13,55	Inf	Bzip transcription factor domain containing protein, expressed	GBF1
GSMUA_Achr9T15950_001	chr9	0,00	28,45	Inf	Conserved conserved hypothetical protein	PKHD1L1
GSMUA_Achr9T16730_001	chr9	0,00	12,19	Inf	Putative pentatricopeptide repeat-containing protein at3g49140	PCMP-H77
GSMUA_Achr9T20780_001	chr9	0,00	18,96	Inf	Granule-bound starch synthase 1, chloroplastic/amyo plastidic	WAXY
GSMUA_Achr9T22730_001	chr9	0,00	10,84	Inf	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr9T23940_001	chr9	0,00	10,84	Inf	No apical meristem protein, putative	NAC74
GSMUA_Achr9T25340_001	chr9	0,00	18,96	Inf	Putative uncharacterized protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr9T26080_001	chr9	0,00	10,84	Inf	Probable glutathione s-transferase	PARC
GSMUA_Achr9T26220_001	chr9	0,00	28,45	Inf	Hypothetical protein	PSAF
GSMUA_Achr9T28520_001	chr9	0,00	16,26	Inf	Putative 26.5 kda heat shock protein, mitochondrial	HSP26.5
GSMUA_Achr9T28790_001	chr9	0,00	16,26	Inf	Putative uncharacterized protein	RPL11
GSMUA_Achr9T29350_001	chr9	0,00	13,55	Inf	Hypothetical protein	WRKY75
GSMUA_Achr9T30150_001	chr9	0,00	10,84	Inf	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_AchrUn_randomT03670_001	chrUn_random	0,00	23,03	Inf	Hypothetical protein	AT1G51820
GSMUA_AchrUn_randomT03740_001	chrUn_random	0,00	102,95	Inf	Putative probable phosphatase phospho1	PHOSPHO1
GSMUA_AchrUn_randomT03870_001	chrUn_random	0,00	10,84	Inf	Putative gibberellin 3-beta-dioxygenase 1	GA4
GSMUA_AchrUn_randomT05110_001	chrUn_random	0,00	18,96	Inf	Expressed protein	YPR157W
GSMUA_AchrUn_randomT05390_001	chrUn_random	0,00	13,55	Inf	Hypothetical protein	MENE
GSMUA_AchrUn_randomT06910_001	chrUn_random	0,00	20,32	Inf	Putative uncharacterized protein	ERF3
GSMUA_AchrUn_randomT07100_001	chrUn_random	0,00	16,26	Inf	Upf0496 protein 1	OS03G0199100
GSMUA_AchrUn_randomT11380_001	chrUn_random	0,00	10,84	Inf	Potassium transporter, putative	HAK10
GSMUA_AchrUn_randomT15380_001	chrUn_random	0,00	12,19	Inf	Putative expressed protein	PKS2
GSMUA_AchrUn_randomT17260_001	chrUn_random	0,00	24,38	Inf	No apical meristem protein, putative, expressed	NAC021
GSMUA_AchrUn_randomT17870_001	chrUn_random	0,00	27,09	Inf	Thaumatin-like protein 1a	TL1
GSMUA_AchrUn_randomT20060_001	chrUn_random	0,00	12,19	Inf	Duf584 domain containing protein, putative, expressed	SPCS
GSMUA_AchrUn_randomT23760_001	chrUn_random	0,00	24,38	Inf	Expansin-b18	EXPB18

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_AchrUn_randomT23910_001	chrUn_random	0,00	59,60	Inf	Putative myrcene synthase, chloroplastic	ISPS
GSMUA_AchrUn_randomT24240_001	chrUn_random	0,00	138,17	Inf	Putative protein gos9	GOS9
GSMUA_AchrUn_randomT27400_001	chrUn_random	0,00	35,22	Inf	Putative glutelin type-a 1	GLUA1
GSMUA_AchrUn_randomT28100_001	chrUn_random	0,00	18,96	Inf	Chlorophyll a-b binding protein cp29.2, chloroplastic	LHCB4.2
GSMUA_AchrUn_randomT28110_001	chrUn_random	0,00	10,84	Inf	Hypothetical protein	TNS3
GSMUA_AchrUn_randomT28500_001	chrUn_random	0,00	10,84	Inf	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr10T02280_001	chr10	0,00	10,84	Inf	Putative 1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase homolog 4	AT1G06650
GSMUA_Achr10T03770_001	chr10	0,00	12,19	Inf	Putative exo70 exocyst complex subunit domain containing protein, expressed	EXOC7
GSMUA_Achr10T06320_001	chr10	0,00	10,84	Inf	Hypothetical protein	LHP1
GSMUA_Achr10T06500_001	chr10	0,00	29,80	Inf	Hypothetical protein	KAO2
GSMUA_Achr10T07900_001	chr10	0,00	13,55	Inf	Putative syntaxin-131	SYP131
GSMUA_Achr10T08020_001	chr10	0,00	10,84	Inf	Caffeic acid 3-o-methyltransferase	COMT
GSMUA_Achr10T08630_001	chr10	0,00	10,84	Inf	Putative expressed protein	HSV2
GSMUA_Achr10T10290_001	chr10	0,00	43,35	Inf	Cen-like protein 2	CET2
GSMUA_Achr10T14790_001	chr10	0,00	13,55	Inf	Hypothetical protein	AT1G56140
GSMUA_Achr10T15090_001	chr10	0,00	24,38	Inf	Glutaredoxin putative	AT5G39865
GSMUA_Achr10T15270_001	chr10	0,00	13,55	Inf	Chlorophyll a-b binding protein 40, chloroplastic	CAB40
GSMUA_Achr10T18840_001	chr10	42,22	0,00	-Inf	Transcription factor bhlh135	BHLH135
GSMUA_Achr10T30340_001	chr10	22,22	0,00	-Inf	Hypothetical protein	DFM1
GSMUA_Achr11T05980_001	chr11	17,78	0,00	-Inf	Putative uncharacterized wd repeat-containing protein all2124	ALL2124
GSMUA_Achr11T13280_001	chr11	25,55	0,00	-Inf	Alpha-xylosidase	XYL1
GSMUA_Achr11T17570_001	chr11	16,66	0,00	-Inf	Actin-depolymerizing factor 1	ADF1
GSMUA_Achr11T19370_001	chr11	15,55	0,00	-Inf	Hypothetical protein	FAM53C
GSMUA_Achr11T20410_001	chr11	15,55	0,00	-Inf	Transcription factor tffif, putative, expressed	YAF9
GSMUA_Achr1T00180_001	chr1	15,55	0,00	-Inf	Hypothetical protein	BIP5
GSMUA_Achr1T08060_001	chr1	15,55	0,00	-Inf	Hypothetical protein	DESCONHECIDO

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr1T10120_001	chr1	15,55	0,00	-Inf	Hypothetical protein	AMA-1
GSMUA_Achr1T25480_001	chr1	32,22	0,00	-Inf	Putative predicted protein	DCHS2
GSMUA_Achr1T27480_001	chr1	15,55	0,00	-Inf	Isoflavone reductase homolog irl	IRL
GSMUA_Achr2T07400_001	chr2	20,00	0,00	-Inf	Transcription factor bhlh135	BHLH135
GSMUA_Achr2T14030_001	chr2	15,55	0,00	-Inf	Hypothetical protein	SPAC23A1.17
GSMUA_Achr3T01580_001	chr3	26,66	0,00	-Inf	Transcription factor bhlh135	BHLH135
GSMUA_Achr3T03860_001	chr3	24,44	0,00	-Inf	Hypothetical protein	ANT1
GSMUA_Achr3T10550_001	chr3	14,44	0,00	-Inf	Putative cytochrome p450 71a9	CYP71A9
GSMUA_Achr3T16060_001	chr3	28,89	0,00	-Inf	Hypothetical protein	APAH
GSMUA_Achr4T02960_001	chr4	17,78	0,00	-Inf	Putative polygalacturonase at1g48100	AT1G48100
GSMUA_Achr4T05350_001	chr4	95,54	0,00	-Inf	JmjC domain containing protein, expressed	KDM3B
GSMUA_Achr4T23610_001	chr4	24,44	0,00	-Inf	Exs family protein, putative, expressed	DDB_G0271664
GSMUA_Achr4T29030_001	chr4	18,89	0,00	-Inf	Glucose and ribitol dehydrogenase	CAISE5
GSMUA_Achr5T10420_001	chr5	22,22	0,00	-Inf	Putative candidate disease-resistance protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr5T11090_001	chr5	17,78	0,00	-Inf	Putative expressed protein	PYROXD1
GSMUA_Achr5T21250_001	chr5	22,22	0,00	-Inf	Myb family transcription factor, putative	MYB12
GSMUA_Achr5T24040_001	chr5	26,66	0,00	-Inf	Osjnba0027p08.12 protein	MAD2L2
GSMUA_Achr6T05980_001	chr6	20,00	0,00	-Inf	65-kDa microtubule-associated protein 7	MAP65-7
GSMUA_Achr6T14110_001	chr6	28,89	0,00	-Inf	Putative probable atp-dependent rna helicase ddx11	DDX11
GSMUA_Achr6T17480_001	chr6	14,44	0,00	-Inf	Sucrose-phosphate synthase	SPS
GSMUA_Achr6T19140_001	chr6	26,66	0,00	-Inf	Universal stress protein domain containing protein, putative, expressed	AT3G01520
GSMUA_Achr6T23560_001	chr6	15,55	0,00	-Inf	Hypothetical protein	FCP1
GSMUA_Achr6T26100_001	chr6	17,78	0,00	-Inf	Putative uncharacterized protein	PRMT-5
GSMUA_Achr6T36810_001	chr6	20,00	0,00	-Inf	Pyruvate kinase, cytosolic isozyme	AT4G26390
GSMUA_Achr7T00090_001	chr7	17,78	0,00	-Inf	Putative uncharacterized protein	PURL
GSMUA_Achr7T02070_001	chr7	17,78	0,00	-Inf	Probable u6 snrna-associated sm-like protein lsm7	LSM7

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr7T06940_001	chr7	20,00	0,00	-Inf	Putative kinase-like protein tmkl11	TMKL1
GSMUA_Achr7T07190_001	chr7	20,00	0,00	-Inf	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr7T11270_001	chr7	14,44	0,00	-Inf	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr7T11280_001	chr7	24,44	0,00	-Inf	Actin-11	ACT11
GSMUA_Achr7T15400_001	chr7	20,00	0,00	-Inf	Kip1, putative, expressed	PRM
GSMUA_Achr7T20220_001	chr7	14,44	0,00	-Inf	Putative probable disease resistance rpp8-like protein 2	RPP8L2
GSMUA_Achr7T21710_001	chr7	24,44	0,00	-Inf	Putative probable calcium-binding protein cml45	CML45
GSMUA_Achr7T24650_001	chr7	17,78	0,00	-Inf	Protein kinase family protein, putative, expressed	PHY1
GSMUA_Achr7T26040_001	chr7	14,44	0,00	-Inf	Myosin-2 heavy chain	MHCA
GSMUA_Achr8T08340_001	chr8	17,78	0,00	-Inf	Amino acid permease 4	AAP4
GSMUA_Achr8T10890_001	chr8	17,78	0,00	-Inf	Hypothetical protein	LAMA2
GSMUA_Achr8T15670_001	chr8	16,66	0,00	-Inf	Hypothetical protein	SPT
GSMUA_Achr8T21810_001	chr8	39,99	0,00	-Inf	Sugar transporter erd6-like 16	AT5G18840
GSMUA_Achr8T23310_001	chr8	15,55	0,00	-Inf	Expressed protein	13
GSMUA_Achr8T26450_001	chr8	21,11	0,00	-Inf	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr9T02640_001	chr9	16,66	0,00	-Inf	Putative expressed protein	PHET
GSMUA_Achr9T02690_001	chr9	15,55	0,00	-Inf	Putative ankyrin repeat-containing protein at3g12360	AT3G12360
GSMUA_Achr9T05110_001	chr9	18,89	0,00	-Inf	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr9T11440_001	chr9	28,89	0,00	-Inf	Putative expressed protein	DML1
GSMUA_Achr9T18500_001	chr9	18,89	0,00	-Inf	Hypothetical protein	VLP1
GSMUA_Achr9T18530_001	chr9	17,78	0,00	-Inf	Putative duf246 domain-containing protein at1g04910	AT1G04910
GSMUA_Achr9T25640_001	chr9	21,11	0,00	-Inf	Serine/threonine-protein kinase nek2	NEK2
GSMUA_AchrUn_randomT00250_001	chrUn_random	15,55	0,00	-Inf	Putative pentatricopeptide repeat-containing protein at3g28640	PCMP-E79
GSMUA_AchrUn_randomT06450_001	chrUn_random	15,55	0,00	-Inf	Gibberellin 2-beta-dioxygenase 8	GA2OX7
GSMUA_AchrUn_randomT10870_001	chrUn_random	20,00	0,00	-Inf	Myosin, putative, expressed	MYO6
GSMUA_AchrUn_randomT13150_001	chrUn_random	17,78	0,00	-Inf	Putative transmembrane 9 superfamily member 2	TM9SF2
GSMUA_AchrUn_randomT14480_001	chrUn_random	22,22	0,00	-Inf	Putative heavy metal-associated domain containing protein, expressed	KDM3B

Anexo F - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘Prata-anã’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(conclusão)

GeneID	Cromos.	'Prata-anã'			Descrição	Genes
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_AchrUn_randomT15880_001	chrUn_random	27,77	0,00	-Inf	Hypothetical protein	CTNNND1
GSMUA_AchrUn_randomT21270_001	chrUn_random	15,55	0,00	-Inf	Oxidoreductase, short chain dehydrogenase/reductase family domain containing protein, expressed	HSD11B1L
GSMUA_AchrUn_randomT23150_001	chrUn_random	17,78	0,00	-Inf	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_AchrUn_randomT26550_001	chrUn_random	14,44	0,00	-Inf	Cytochrome b6-f complex subunit 4	PETD
GSMUA_Achr10T06990_001	chr10	24,44	0,00	-Inf	Putative pentatricopeptide repeat-containing protein at2g01510, mitochondrial	PCMP-H37
GSMUA_Achr10T13950_001	chr10	15,55	0,00	-Inf	Putative expressed protein	CHLN

Anexo G - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continua)

GeneID	Cromos.	'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr6T22790_001	chr6	1,64	71,12	5,44	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_AchrUn_randomT21780_001	chrUn_random	4,91	212,33	5,43	Hypothetical protein	RPOB
GSMUA_AchrUn_randomT05430_001	chrUn_random	3,28	121,62	5,21	Putative 30S ribosomal protein S11	RPSK
GSMUA_Achr10T31500_001	chr10	1,64	54,63	5,06	Acetyl-coenzyme A carboxylase carboxyl transferase subunit beta, chloroplastic	ACCD
GSMUA_Achr1T02720_001	chr1	1,64	45,35	4,79	Putative Disease resistance response protein 206	PI206
GSMUA_Achr5T18590_001	chr5	1,64	45,35	4,79	Hypothetical protein	RBCL
GSMUA_Achr8T18460_001	chr8	1,64	43,29	4,72	Hypothetical protein	MYB21
GSMUA_Achr6T01380_001	chr6	139,24	3298,29	4,57	Wound-induced protein WIN1	WIN1
GSMUA_AchrUn_randomT10550_001	chrUn_random	14,74	333,95	4,50	Apocytochrome f	PETA
GSMUA_AchrUn_randomT10090_001	chrUn_random	15,56	348,38	4,48	60S ribosomal protein L5, mitochondrial	RPL5
GSMUA_Achr6T01350_001	chr6	42,59	897,75	4,40	Wound-induced protein WIN1	WIN1
GSMUA_Achr2T04360_001	chr2	8,19	166,98	4,35	Caffeic acid 3-O-methyltransferase	OMT
GSMUA_Achr9T14310_001	chr9	0,82	16,49	4,33	OsSAUR33 - Auxin-responsive SAUR gene family member, expressed	ARG7
GSMUA_Achr9T27150_001	chr9	0,82	16,49	4,33	Hypothetical protein	SLC25A3
GSMUA_AchrUn_randomT03240_001	chrUn_random	1,64	32,98	4,33	Hypothetical protein	ALAS
GSMUA_Achr11T01270_001	chr11	32,76	636,98	4,28	Putative Uncharacterized protein KIAA0754	KIAA0754
GSMUA_Achr9T26470_001	chr9	4,91	94,83	4,27	Putative F-box/WD repeat-containing protein 7	AGO
GSMUA_AchrUn_randomT24660_001	chrUn_random	15,56	297,88	4,26	Cytochrome c oxidase subunit 1	COX1
GSMUA_AchrUn_randomT15230_001	chrUn_random	96,65	1819,22	4,23	ATP synthase subunit alpha, mitochondrial	ATPA
GSMUA_AchrUn_randomT05460_001	chrUn_random	6,55	121,62	4,21	Hypothetical protein	ND1
GSMUA_AchrUn_randomT10100_001	chrUn_random	27,03	496,81	4,20	Cytochrome b	MT-CYB
GSMUA_AchrUn_randomT21750_001	chrUn_random	8,19	143,27	4,13	Putative ATP synthase subunit alpha, chloroplastic	ATPA

Anexo G - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_AchrUn_randomT10080_001	chrUn_random	47,51	827,67	4,12	Ribosomal protein S3, mitochondrial	YRPS3
GSMUA_AchrUn_randomT21760_001	chrUn_random	15,56	269,02	4,11	ATP synthase subunit b, chloroplastic	ATPF
GSMUA_Achr11T22160_001	chr11	29,49	506,08	4,10	secretory protein, putative, expressed	NARX
GSMUA_AchrUn_randomT10130_001	chrUn_random	6,55	112,35	4,10	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain 6	ND6
GSMUA_Achr10T11030_001	chr10	0,82	13,40	4,03	Putative 22.7 kDa class IV heat shock protein	HSP22.7
GSMUA_Achr4T29470_001	chr4	1,64	26,80	4,03	WUSCHEL-related homeobox 8	WOX8
GSMUA_AchrUn_randomT17280_001	chrUn_random	1,64	26,80	4,03	Protein ycf2	YCF2-A
GSMUA_AchrUn_randomT28790_001	chrUn_random	1,64	26,80	4,03	DUF538 domain containing protein, putative, expressed	AT5G01610
GSMUA_AchrUn_randomT29050_001	chrUn_random	1,64	26,80	4,03	NAD(P)H-quinone oxidoreductase subunit 1, chloroplastic	NDHA
GSMUA_Achr9T27930_001	chr9	3,28	52,57	4,00	harpin-induced protein 1 domain containing protein, expressed	AT1G08160
GSMUA_Achr10T13610_001	chr10	293,23	4647,50	3,99	Cysteine-rich repeat secretory protein 55	CRRSP55
GSMUA_AchrUn_randomT10060_001	chrUn_random	29,49	463,82	3,98	60S ribosomal protein L2, mitochondrial	RPL2
GSMUA_AchrUn_randomT09060_001	chrUn_random	6,55	102,04	3,96	Probable cytochrome c biosynthesis protein	CCMFN2
GSMUA_Achr5T17960_001	chr5	5,73	88,64	3,95	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr5T26230_001	chr5	0,82	12,37	3,92	Putative Cytochrome P450 (Fragment)	CYP94A1
GSMUA_Achr7T08610_001	chr7	16,38	247,37	3,92	Hypothetical protein	YCF72-1
GSMUA_AchrUn_randomT10070_001	chrUn_random	7,37	109,26	3,89	Ribosomal protein S19, mitochondrial	RPS19
GSMUA_Achr4T04800_001	chr4	3,28	47,41	3,86	FAD-binding and arabino-lactone oxidase domains containing protein, putative, expressed	GULO
GSMUA_AchrUn_randomT03290_001	chrUn_random	22,93	330,86	3,85	ATP synthase subunit 9, mitochondrial	ATP9
GSMUA_Achr6T07680_001	chr6	893,62	12714,93	3,83	Basic blue protein	AT2G02850
GSMUA_Achr6T03550_001	chr6	6,55	92,76	3,82	Cytochrome P450 71B10	CYP71B10
GSMUA_Achr5T17970_001	chr5	107,30	1513,09	3,82	plastocyanin-like domain containing protein, putative, expressed	GC
GSMUA_Achr6T07670_001	chr6	76,17	1059,58	3,80	Hypothetical protein	VAR3
GSMUA_Achr8T31860_001	chr8	4,91	68,03	3,79	Putative uncharacterized protein Sb10g006563 (Fragment)	THR5

Anexo G - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_AchrUn_randomT08510_001	chrUn_random	1,64	22,68	3,79	Hypothetical protein	PLSY
GSMUA_AchrUn_randomT01290_001	chrUn_random	3,28	44,32	3,76	Hypothetical protein	ARO2
GSMUA_AchrUn_randomT23220_001	chrUn_random	1,64	21,65	3,72	Hypothetical protein	YNL313C
GSMUA_AchrUn_randomT26750_001	chrUn_random	1,64	21,65	3,72	Putative Probably inactive leucine-rich repeat receptor-like protein kinase At2g25790	AT2G25790
GSMUA_Achr10T05990_001	chr10	330,91	4232,12	3,68	Peroxidase 4	GSVIVT00023967001
GSMUA_AchrUn_randomT15220_001	chrUn_random	3,28	41,23	3,65	Putative uncharacterized protein	DOK3
GSMUA_AchrUn_randomT03100_001	chrUn_random	11,47	143,27	3,64	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain 1	ND1
GSMUA_AchrUn_randomT03280_001	chrUn_random	1,64	19,58	3,58	Putative DNA-directed RNA polymerase subunit beta	RPOB
GSMUA_AchrUn_randomT24910_001	chrUn_random	212,96	2527,32	3,57	Putative uncharacterized protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr10T01840_001	chr10	157,26	1857,35	3,56	Cationic peroxidase 1	PNC1
GSMUA_AchrUn_randomT21770_001	chrUn_random	23,75	276,23	3,54	Predicted protein (Fragment)	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr9T15610_001	chr9	4,91	56,69	3,53	Putative Uncharacterized protein At1g66480	AT1G66480
GSMUA_AchrUn_randomT14220_001	chrUn_random	21,30	245,31	3,53	NADH-ubiquinone oxidoreductase 49 kDa subunit	NAD7
GSMUA_AchrUn_randomT03210_001	chrUn_random	12,29	141,21	3,52	Putative cytochrome c biosynthesis ccmC-like mitochondrial protein	CCMC
GSMUA_Achr10T08760_001	chr10	375,14	4272,32	3,51	Putative Salt stress-induced protein	SALT
GSMUA_Achr7T08970_001	chr7	208,05	2359,31	3,50	Beta-galactosidase	OS01G0580200
GSMUA_AchrUn_randomT03340_001	chrUn_random	14,74	165,95	3,49	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain 2	ND2
GSMUA_Achr3T26890_001	chr3	1028,7	11421,38	3,47	Endochitinase CH5B	RSCA
GSMUA_Achr8T29910_001	chr8	21,30	232,94	3,45	Hypothetical protein	MYB305
GSMUA_Achr7T11950_001	chr7	4,91	53,60	3,45	Putative uncharacterized protein	ZFP6
GSMUA_Achr3T26910_001	chr3	176,10	1916,10	3,44	Chitinase 1	CHT1
GSMUA_AchrUn_randomT07960_001	chrUn_random	11,47	122,66	3,42	Ribosomal protein S10, mitochondrial	RPS10
GSMUA_Achr10T13620_001	chr10	155,63	1657,39	3,41	Cysteine-rich repeat secretory protein 55	CRRSP55

Anexo G - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_AchrUn_randomT14210_001	chrUn_random	12,29	128,84	3,39	Putative ATP synthase protein YMF19	YMF19
GSMUA_Achr3T31260_001	chr3	18,02	185,53	3,36	30S ribosomal protein S19, chloroplastic	RPS19
GSMUA_AchrUn_randomT10140_001	chrUn_random	34,40	353,54	3,36	Cytochrome c oxidase subunit 3	COX3
GSMUA_AchrUn_randomT24900_001	chrUn_random	1510,3 9	14436,22	3,26	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr10T11270_001	chr10	387,43	3691,00	3,25	Basic blue protein	AT2G02850
GSMUA_Achr10T25090_001	chr10	37,68	342,20	3,18	Putative Blue copper protein	AT5G15350
GSMUA_AchrUn_randomT07980_001	chrUn_random	13,11	116,47	3,15	Uncharacterized tatC-like protein ymf16	YMF16
GSMUA_Achr10T14750_001	chr10	72,90	647,29	3,15	Putative 10-deacetylbaicalin III 10-O-acetyltransferase	TAX10
GSMUA_AchrUn_randomT21800_001	chrUn_random	9,83	86,58	3,14	Probable WRKY transcription factor 75	WRKY75
GSMUA_Achr7T26770_001	chr7	29,49	254,59	3,11	Pectinesterase QRT1	QRT1
GSMUA_Achr5T17150_001	chr5	1043,5 2	8952,81	3,10	Hypothetical protein	CHT6
GSMUA_Achr3T08250_001	chr3	611,86	5152,55	3,07	Pathogenesis-related protein 1	PR1
GSMUA_Achr10T11260_001	chr10	7,37	61,84	3,07	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr11T11210_001	chr11	68,80	572,05	3,06	Polygalacturonase	AT2G43860
GSMUA_Achr10T11140_001	chr10	75,36	595,75	2,98	Putative phytosulfokines 6	PSK6
GSMUA_AchrUn_randomT24890_001	chrUn_random	40,95	323,65	2,98	Histone deacetylase 6	HDA6
GSMUA_Achr10T08750_001	chr10	118,77	928,68	2,97	Putative Salt stress-induced protein	SALT
GSMUA_Achr1T16420_001	chr1	4,91	38,14	2,96	Hypothetical protein	CENPE
GSMUA_AchrUn_randomT15270_001	chrUn_random	26,21	202,02	2,95	Hypothetical protein	COX2
GSMUA_Achr5T26210_001	chr5	107,30	812,21	2,92	Putative uncharacterized protein	TT1
GSMUA_Achr2T03640_001	chr2	11,47	86,58	2,92	RING-H2 finger protein ATL44	ATL44
GSMUA_Achr8T22450_001	chr8	73,72	556,59	2,92	Lichenase	GN1

Anexo G - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr9T12230_001	chr9	111,40	840,03	2,91	Whole genome shotgun sequence of line PN40024, scaffold_301.assembly12x (Fragment)	BMPER
GSMUA_AchrUn_randomT08440_001	chrUn_random	58,97	442,18	2,91	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain 5	ND5
GSMUA_Achr6T16980_001	chr6	129,42	951,35	2,88	Putative Gibberellin receptor GID1	GID1
GSMUA_AchrUn_randomT25110_001	chrUn_random	8,19	59,78	2,87	Protein ycf2	YCF2-A
GSMUA_AchrUn_randomT03330_001	chrUn_random	13,11	93,80	2,84	Putative cytochrome c biogenesis ccmF-like mitochondrial protein	CCMFC
GSMUA_Achr7T08960_001	chr7	23,75	169,04	2,83	Beta-galactosidase	OS01G0580200
GSMUA_AchrUn_randomT15010_001	chrUn_random	408,72	2880,85	2,82	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr9T17760_001	chr9	47,51	329,83	2,80	Cytokinin dehydrogenase 4	CKX4
GSMUA_Achr1T24730_001	chr1	8,19	56,69	2,79	Hypothetical protein	ATL2
GSMUA_Achr10T16670_001	chr10	21,30	144,30	2,76	Adenine/guanine permease AZG2	AZG2
GSMUA_Achr3T08370_001	chr3	20,48	138,12	2,75	Hypothetical protein	MYB305
GSMUA_Achr2T20710_001	chr2	94,19	628,74	2,74	Putative Pectinesterase inhibitor	PMEI
GSMUA_Achr8T27270_001	chr8	39,32	261,80	2,74	Gibberellin 2-beta-dioxygenase 1	GA2OX1
GSMUA_Achr6T24500_001	chr6	59,79	393,73	2,72	Putative Multidrug and toxin extrusion protein 1	SLC47A1
GSMUA_Achr9T15250_001	chr9	42,59	278,29	2,71	expressed protein	MUTM
GSMUA_AchrUn_randomT03250_001	chrUn_random	80,27	519,48	2,69	aspartic proteinase, putative, expressed	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr9T08480_001	chr9	18,02	115,44	2,68	Hypothetical protein	MYB44
GSMUA_AchrUn_randomT20070_001	chrUn_random	169,55	1068,85	2,66	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr8T01890_001	chr8	29,49	183,47	2,64	Hypothetical protein	F11L
GSMUA_Achr3T07890_001	chr3	45,87	284,48	2,63	heavy metal-associated domain containing protein, expressed	CCS1
GSMUA_AchrUn_randomT22460_001	chrUn_random	1561,18	9509,40	2,61	Hypothetical protein	YLR154W-F
GSMUA_AchrUn_randomT28900_001	chrUn_random	26,21	158,73	2,60	Caffeic acid 3-O-methyltransferase	COMT
GSMUA_Achr10T27420_001	chr10	24,57	148,42	2,59	Putative uncharacterized protein	HAT5

Anexo G - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr6T32770_001	chr6	96,65	576,17	2,58	expressed protein	TRIM5
GSMUA_Achr10T30870_001	chr10	11,47	68,03	2,57	Xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein 22	XTH22
GSMUA_AchrUn_randomT28530_001	chrUn_random	190,85	1122,45	2,56	Putative Uncharacterized protein PHLOEM PROTEIN 2-LIKE A4	PP2A4
GSMUA_Achr10T11300_001	chr10	49,96	292,72	2,55	Putative Probable gibberellin receptor GID1L3	GID1L3
GSMUA_Achr11T15530_001	chr11	23,75	138,12	2,54	50S ribosomal protein L22, chloroplastic	RPL22
GSMUA_Achr11T09660_001	chr11	40,95	238,10	2,54	Hypothetical protein	ERF114
GSMUA_Achr2T00330_001	chr2	34,40	199,96	2,54	Putative uncharacterized protein	CCS1
GSMUA_AchrUn_randomT26410_001	chrUn_random	379,24	2188,21	2,53	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_AchrUn_randomT05120_001	chrUn_random	41,77	239,13	2,52	expressed protein	YPR157W
GSMUA_Achr3T26680_001	chr3	36,86	210,27	2,51	Putative Receptor protein kinase CLAVATA1	CLV1
GSMUA_Achr5T01020_001	chr5	139,24	787,47	2,50	Putative U-box domain-containing protein 29	PUB29
GSMUA_Achr9T18980_001	chr9	18,02	101,01	2,49	expressed protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr3T08240_001	chr3	810,08	4532,06	2,48	Pathogenesis-related protein 1	PR1
GSMUA_Achr1T18610_001	chr1	36,04	200,99	2,48	Protein ODORANT1	ODO1
GSMUA_AchrUn_randomT24260_001	chrUn_random	618,41	3439,50	2,48	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr3T08230_001	chr3	805,16	4473,31	2,47	Pathogenesis-related protein 1	PR1
GSMUA_Achr6T09760_001	chr6	22,12	122,66	2,47	MYB family transcription factor, putative, expressed	MYB21
GSMUA_Achr5T12080_001	chr5	37,68	208,20	2,47	Expansin-B17	EXPB17
GSMUA_Achr3T08400_001	chr3	99,93	551,43	2,46	Polygalacturonase At1g48100	AT1G48100
GSMUA_Achr9T26060_001	chr9	525,85	2859,21	2,44	Probable glutathione S-transferase parA	PARA
GSMUA_Achr11T11640_001	chr11	136,79	731,81	2,42	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr7T27530_001	chr7	150,71	800,87	2,41	Hypothetical protein	HAT22
GSMUA_Achr6T21330_001	chr6	457,05	2428,37	2,41	Endochitinase PR4	CHI4

Anexo G - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr6T11190_001	chr6	1282,69	6785,21	2,40	Basic blue protein	AT2G02850
GSMUA_Achr11T18950_001	chr11	45,05	238,10	2,40	Predicted protein	TT1
GSMUA_Achr3T04790_001	chr3	85,18	438,05	2,36	S-adenosylmethionine decarboxylase proenzyme	SAMDC
GSMUA_Achr10T04510_001	chr10	34,40	175,22	2,35	Glycosyl transferase, putative, expressed	GYG2
GSMUA_Achr11T01920_001	chr11	36,04	183,47	2,35	exostosin family domain containing protein, expressed	XGD1
GSMUA_Achr10T07820_001	chr10	19,66	99,98	2,35	BRASSINOSTEROID INSENSITIVE 1-associated receptor kinase 1, putative	AT2G17120
GSMUA_Achr1T21020_001	chr1	31,94	161,82	2,34	Myb-related protein 305	MYB305
GSMUA_Achr9T00720_001	chr9	68,80	347,35	2,34	Hypothetical protein	SFCA
GSMUA_Achr5T21100_001	chr5	22,93	115,44	2,33	Nicotianamine synthase	CHLN
GSMUA_Achr6T29590_001	chr6	24,57	123,69	2,33	Hypothetical protein	DDB_G0289029
GSMUA_Achr7T18580_001	chr7	44,23	222,63	2,33	plant viral response family protein, putative, expressed	TMEM45A
GSMUA_Achr3T09620_001	chr3	42,59	212,33	2,32	Putative Protein LURP-one-related 8	AT2G38640
GSMUA_Achr2T04380_001	chr2	18,84	93,80	2,32	Caffeic acid 3-O-methyltransferase	COMT1
GSMUA_Achr10T12150_001	chr10	212,96	1057,52	2,31	AP2 domain transcription factor RAP2.3, putative	ERF114
GSMUA_Achr3T02330_001	chr3	106,48	526,70	2,31	Hypothetical protein	CHEB2
GSMUA_Achr5T04560_001	chr5	76,99	379,30	2,30	Tropinone reductase homolog At1g07440	AT1G07440
GSMUA_Achr11T15750_001	chr11	18,02	88,64	2,30	flowering promoting factor-like 1, putative, expressed	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr9T26340_001	chr9	475,07	2325,30	2,29	Putative nucleic acid binding protein (Fragment)	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr3T09360_001	chr3	27,85	136,05	2,29	Putative Serine/threonine-protein kinase-like protein At5g23170	AT5G23170
GSMUA_Achr9T01220_001	chr9	26,21	127,81	2,29	TPD1, putative, expressed	AT1G05835
GSMUA_Achr4T27350_001	chr4	22,93	111,32	2,28	Putative Myb-related protein Zm1	MYB4
GSMUA_AchrUn_randomT27020_001	chrUn_random	34,40	166,98	2,28	Putative Probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At3g47570	AT3G47570

Anexo G - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_AchrUn_randomT05150_001	chrUn_random	33,58	160,79	2,26	Putative Glutamate receptor 2,9	GLR2.9
GSMUA_Achr8T30510_001	chr8	27,85	130,90	2,23	Putative uncharacterized protein	ORF21
GSMUA_Achr10T15490_001	chr10	39,32	184,50	2,23	Putative expressed protein	TULP6
GSMUA_Achr8T15700_001	chr8	213,78	1002,89	2,23	Putative Disease resistance response protein 206	PI206
GSMUA_Achr9T05830_001	chr9	23,75	111,32	2,23	Putative Xylosyltransferase	XT
GSMUA_Achr11T01870_001	chr11	31,94	149,45	2,23	expressed protein	GUAA
GSMUA_Achr4T32330_001	chr4	188,39	878,17	2,22	Putative nucleic acid binding protein (Fragment)	DESCONHECIDO
GSMUA_AchrUn_randomT24320_001	chrUn_random	34,40	159,76	2,22	Hypothetical protein	CHT5
GSMUA_Achr4T18020_001	chr4	51,60	239,13	2,21	Putative harpin-induced protein 1 domain containing protein, expressed	AT1G08160
GSMUA_Achr9T16710_001	chr9	57,34	263,86	2,20	Putative 3'-N-debenzoyl-2'-deoxytaxol N-benzoyltransferase	TAX10
GSMUA_Achr11T16130_001	chr11	45,87	210,27	2,20	MYB family transcription factor, putative, expressed	MYB305
GSMUA_Achr7T27070_001	chr7	76,17	342,20	2,17	Sugar transport protein 13	STP13
GSMUA_Achr6T09930_001	chr6	72,90	325,71	2,16	Putative expressed protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr6T11090_001	chr6	689,67	3050,92	2,15	UDP-glucose 6-dehydrogenase	UGD1
GSMUA_Achr2T02870_001	chr2	119,59	528,76	2,14	Hypothetical protein	EIF3C
GSMUA_Achr5T25670_001	chr5	70,44	309,22	2,13	Hypothetical protein	RPOB
GSMUA_Achr2T11280_001	chr2	54,06	237,06	2,13	Thaumatin-like protein 1	TL1
GSMUA_AchrUn_randomT27370_001	chrUn_random	227,71	993,61	2,13	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr7T23440_001	chr7	85,18	366,94	2,11	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr7T00710_001	chr7	101,57	437,02	2,11	Putative nucleic acid binding protein (Fragment)	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr9T26050_001	chr9	45,87	195,84	2,09	Probable glutathione S-transferase parA	PARA
GSMUA_Achr5T07550_001	chr5	40,14	171,10	2,09	Putative Protein LURP-one-related 8	AT2G38640
GSMUA_Achr3T11930_001	chr3	625,78	2625,24	2,07	Putative Aspartic proteinase nepenthesin-2	NEP2

Anexo G - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr1T21630_001	chr1	135,15	566,89	2,07	F-box/kelch-repeat protein SKIP11	SKIP11
GSMUA_Achr6T33720_001	chr6	37,68	157,70	2,07	Putative LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase FLS2	FLS2
GSMUA_Achr6T32300_001	chr6	498,82	2085,14	2,06	stress responsive protein, putative, expressed	FIMD
GSMUA_AchrUn_randomT16030_001	chrUn_random	185,11	773,04	2,06	Putative 3'-N-debenzoyl-2'-deoxytaxol N-benzoyltransferase	TAX10
GSMUA_Achr10T08980_001	chr10	93,38	389,61	2,06	Putative plant-specific domain TIGR01627 family protein, expressed	DDB_G0283893
GSMUA_Achr6T23230_001	chr6	44,23	183,47	2,05	Short-chain type dehydrogenase/reductase	STCU
GSMUA_Achr1T00870_001	chr1	167,09	690,58	2,05	Putative 21 kDa protein	PME2
GSMUA_Achr2T18250_001	chr2	123,68	510,20	2,04	Putative expressed protein	BIRC2
GSMUA_Achr2T03980_001	chr2	62,25	254,59	2,03	Probable aquaporin PIP1-2	PIP1-2
GSMUA_Achr3T16320_001	chr3	250,64	1024,53	2,03	Hexokinase-1	HXK1
GSMUA_Achr3T20200_001	chr3	97,47	395,80	2,02	oxidoreductase/ transition metal ion binding protein, putative, expressed	ZNF609
GSMUA_Achr2T01200_001	chr2	93,38	378,27	2,02	Putative methyltransferase DDB_G0268948	DDB_G0268948
GSMUA_Achr4T06430_001	chr4	42,59	170,07	2,00	Putative LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase FLS2	FLS2
GSMUA_AchrUn_randomT22250_001	chrUn_random	45,05	179,34	1,99	expressed protein	PI206
GSMUA_Achr6T29240_001	chr6	173,65	679,24	1,97	Putative Probable pectinesterase/pectinesterase inhibitor 51	PME51
GSMUA_Achr8T08570_001	chr8	119,59	463,82	1,96	()-pulegone reductase	P2
GSMUA_Achr4T07040_001	chr4	57,34	219,54	1,94	Putative polyol transporter 1	PLT1
GSMUA_Achr9T28320_001	chr9	208,87	792,62	1,92	Expansin-A7	EXPA7
GSMUA_Achr1T04180_001	chr1	104,84	397,86	1,92	Probable methyltransferase PMT17	AT4G10440
GSMUA_Achr2T22000_001	chr2	149,89	564,83	1,91	Putative Dof zinc finger protein DOF5.2	DOF5.2
GSMUA_Achr3T31360_001	chr3	150,71	562,77	1,90	Putative Receptor-like protein kinase HSL1	HSL1
GSMUA_Achr1T03130_001	chr1	355,48	1321,38	1,89	Probable xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein 32	XTH32
GSMUA_Achr9T22840_001	chr9	191,67	710,16	1,89	Probable 4-coumarate--CoA ligase 3	4CL3

Anexo G - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr3T08990_001	chr3	113,03	417,44	1,88	Putative Polyneuridine-aldehyde esterase	PNAE
GSMUA_Achr3T01140_001	chr3	786,32	2899,41	1,88	Chalcone synthase 2	CHS2
GSMUA_Achr6T15610_001	chr6	65,53	241,19	1,88	Putative Protein SRG1	SRG1
GSMUA_Achr11T13200_001	chr11	87,64	321,58	1,88	Hypothetical protein	MYB305
GSMUA_Achr8T23110_001	chr8	600,39	2197,49	1,87	Chemocyanin	AT2G02850
GSMUA_Achr6T25480_001	chr6	78,63	287,57	1,87	ABC transporter G family member 25	ABCG25
GSMUA_AchrUn_randomT23830_001	chrUn_random	661,00	2417,03	1,87	Putative uncharacterized protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr2T14640_001	chr2	90,92	331,89	1,87	Putative uncharacterized protein SB45I19.7	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr3T30490_001	chr3	88,46	322,61	1,87	expressed protein	TRUB
GSMUA_Achr4T16630_001	chr4	762,57	2767,48	1,86	Putative Non-specific lipid-transfer protein	IWF1'
GSMUA_Achr8T24390_001	chr8	81,91	294,79	1,85	Hypothetical protein	TXNRD1
GSMUA_Achr7T11530_001	chr7	96,65	346,32	1,84	Putative uncharacterized protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr5T10340_001	chr5	360,40	1283,24	1,83	Putative Probable glutathione S-transferase GSTU6	GSTU6
GSMUA_Achr10T27630_001	chr10	414,46	1468,77	1,83	Putative Receptor-like protein kinase HSL1	HSL1
GSMUA_Achr8T05100_001	chr8	68,80	243,25	1,82	Whole genome shotgun sequence of line PN40024, scaffold_732.assembly12x (Fragment)	HOX19
GSMUA_Achr3T07660_001	chr3	231,80	818,39	1,82	Probable NAD(P)H-dependent oxidoreductase 1	OS10G0113000
GSMUA_Achr3T18680_001	chr3	807,62	2848,90	1,82	ANAC083 transcription factor	NAC71
GSMUA_Achr4T07050_001	chr4	95,01	334,98	1,82	Conserved conserved hypothetical protein	TTC1
GSMUA_Achr8T02300_001	chr8	140,88	494,74	1,81	Auxin transporter-like protein 1	OS01G0856500
GSMUA_AchrUn_randomT07400_001	chrUn_random	261,29	910,12	1,80	Putative Uncharacterized protein At1g08160	AT1G08160
GSMUA_Achr3T28310_001	chr3	83,55	289,63	1,79	Uncharacterized protein At4g06744	AT4G06744
GSMUA_Achr7T23430_001	chr7	1197,50	4096,07	1,77	Putative Disease resistance response protein 206	PI206
GSMUA_Achr4T02380_001	chr4	131,05	446,30	1,77	NAC domain-containing protein 29	NAC029

Anexo G - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr4T24170_001	chr4	91,74	312,31	1,77	uncharacterized glycosyl hydrolase Rv2006/MT2062, putative, expressed	OTSB
GSMUA_Achr11T20940_001	chr11	167,09	564,83	1,76	Putative Whole genome shotgun sequence of line PN40024, scaffold_299.assembly12x (Fragment)	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr1T02750_001	chr1	624,14	2082,05	1,74	Putative Chitin elicitor-binding protein	CEBIP
GSMUA_Achr1T01450_001	chr1	601,21	2001,65	1,74	14 kDa proline-rich protein DC2.15	TPRP-F1
GSMUA_Achr2T05200_001	chr2	579,91	1909,92	1,72	Pyrophosphate-energized vacuolar membrane proton pump	AVP1
GSMUA_Achr2T14310_001	chr2	978,81	3216,87	1,72	Chalcone synthase E	CHSE
GSMUA_Achr7T13100_001	chr7	506,20	1637,81	1,69	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr10T12970_001	chr10	565,17	1828,49	1,69	Putative Wound-induced protein 1	WUN1
GSMUA_Achr10T18770_001	chr10	145,80	468,98	1,69	Putative Dof zinc finger protein DOF3.3	DOF3.3
GSMUA_Achr11T15630_001	chr11	791,24	2486,09	1,65	Flavonoid 3',5'-hydroxylase 2	CYP75A3
GSMUA_Achr8T23080_001	chr8	226,89	700,89	1,63	Putative uncharacterized protein	AT1G66480
GSMUA_AchrUn_randomT15520_001	chrUn_random	169,55	523,60	1,63	Homeobox-leucine zipper protein HAT22	HAT22
GSMUA_Achr9T30950_001	chr9	642,16	1963,52	1,61	UPF0497 membrane protein 2	MA4_106O17.52
GSMUA_Achr6T16090_001	chr6	268,66	818,39	1,61	Probable gibberellin receptor GID1L3	GID1L3
GSMUA_Achr2T01420_001	chr2	412,82	1247,17	1,60	Putative Protein PHLOEM PROTEIN 2-LIKE A9	PP2A9
GSMUA_Achr6T01610_001	chr6	221,97	661,72	1,58	Putative Acyl-protein thioesterase 2	LYPLA2
GSMUA_Achr3T07670_001	chr3	562,71	1666,67	1,57	Probable NAD(P)H-dependent oxidoreductase 1	OS10G0113000
GSMUA_Achr8T29600_001	chr8	268,66	795,71	1,57	Putative NADH-quinone oxidoreductase subunit I	NUOI
GSMUA_Achr8T03630_001	chr8	279,31	811,17	1,54	22.3 kDa class VI heat shock protein	HSP22.3
GSMUA_Achr11T10700_001	chr11	1136,89	356,63	-1,67	Putative Probable WRKY transcription factor 33	WRKY33
GSMUA_Achr4T19910_001	chr4	831,37	257,68	-1,69	Endoglucanase 24	OS09G0533900
GSMUA_Achr6T32080_001	chr6	939,49	289,63	-1,70	Putative uncharacterized protein	PRX

Anexo G - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr11T05430_001	chr11	2215,6 3	679,24	-1,71	Pectinesterase 3	PECS-1.1
GSMUA_Achr7T08410_001	chr7	1679,9 4	507,11	-1,73	3-ketoacyl-CoA synthase 11	KCS11
GSMUA_Achr10T16960_001	chr10	748,64	224,70	-1,74	Omega-hydroxypalmitate O-feruloyl transferase	HHT1
GSMUA_Achr4T02750_001	chr4	551,24	164,91	-1,74	Putative Auxin response factor 2	ARF2
GSMUA_Achr3T22730_001	chr3	882,16	261,80	-1,75	Zinc finger A20 and AN1 domain-containing stress-associated protein 4	SAP4
GSMUA_Achr10T20630_001	chr10	1521,8 6	451,45	-1,75	Chalcone synthase 1A	CHS1A
GSMUA_Achr11T13570_001	chr11	764,21	225,73	-1,76	glycosyltransferase, putative, expressed	AGO61
GSMUA_Achr4T14500_001	chr4	1552,1 7	455,58	-1,77	Putative Sulfotransferase 17	SOT17
GSMUA_Achr7T03640_001	chr7	1031,2 3	300,97	-1,78	Putative uncharacterized protein	ERF4
GSMUA_Achr3T25890_001	chr3	414,46	119,56	-1,79	calmodulin-binding protein, putative, expressed	ASPM
GSMUA_Achr1T25150_001	chr1	1211,4 3	348,38	-1,80	haloacid dehalogenase-like hydrolase family protein, putative, expressed	SDT1
GSMUA_AchrUn_randomT18080_001	chrUn_random	1008,2 9	289,63	-1,80	tetraspanin family protein, putative, expressed	TSPAN31
GSMUA_Achr11T24730_001	chr11	2123,8 9	604,00	-1,81	Zinc finger CCCH domain-containing protein 33	OS05G0128200
GSMUA_Achr1T23960_001	chr1	977,17	275,20	-1,83	Cellulose synthase-like protein D2	CSLD2
GSMUA_Achr10T02460_001	chr10	801,07	224,70	-1,83	Plant-specific domain TIGR01615 family protein, expressed	RPOC1
GSMUA_Achr4T29170_001	chr4	1249,9 2	345,29	-1,86	Hypothetical protein	NAC078
GSMUA_Achr6T28260_001	chr6	452,14	124,72	-1,86	Probable pectate lyase 22	AT5G63180
GSMUA_Achr6T10610_001	chr6	344,02	94,83	-1,86	expressed protein	DXS2

Anexo G - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr11T15850_001	chr11	2576,8 4	710,16	-1,86	COBRA-like protein 7	COBL7
GSMUA_Achr6T04420_001	chr6	745,37	205,11	-1,86	protein kinase APK1B, chloroplast precursor, putative, expressed	NAK
GSMUA_Achr2T17490_001	chr2	479,98	129,87	-1,89	Non-specific lipid-transfer protein	AT5G64080
GSMUA_Achr8T27730_001	chr8	678,20	183,47	-1,89	BES1/BZR1 homolog protein 4	BEH4
GSMUA_Achr5T10120_001	chr5	787,96	212,33	-1,89	Beta-amylase 1, chloroplastic	BAM1
GSMUA_Achr1T20810_001	chr1	2242,6 6	600,91	-1,90	Hypothetical protein	AGO61
GSMUA_Achr8T10870_001	chr8	330,91	88,64	-1,90	Probable receptor-like protein kinase At2g42960	AT2G42960
GSMUA_Achr7T18640_001	chr7	523,40	140,18	-1,90	Putative U-box domain-containing protein 21	PUB21
GSMUA_Achr4T27370_001	chr4	335,83	89,67	-1,90	Probable xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein 30	XTH30
GSMUA_Achr10T15280_001	chr10	484,08	128,84	-1,91	Aspartic proteinase oryzasin-1	OS05G0567100
GSMUA_Achr2T10680_001	chr2	693,77	184,50	-1,91	myosin-2 heavy chain, non muscle, putative, expressed	MYOJ
GSMUA_Achr6T11170_001	chr6	1384,2 5	366,94	-1,92	Probable protein phosphatase 2C 78	OS12G0580900
GSMUA_Achr8T18820_001	chr8	1105,7 7	292,72	-1,92	Glutamyl-tRNA reductase 1, chloroplastic	HEMA1
GSMUA_Achr2T16780_001	chr2	381,69	101,01	-1,92	Beta-galactosidase	OS01G0580200
GSMUA_Achr10T28270_001	chr10	1164,7 4	307,15	-1,92	retrotransposon protein, putative, Ty3-gypsy subclass, expressed	LRX4
GSMUA_AchrUn_randomT16100_001	chrUn_random	380,87	99,98	-1,93	Putative Ethylene-responsive transcription factor 9	ERF9
GSMUA_Achr8T14530_001	chr8	1499,7 5	390,64	-1,94	pectinacetylesterase domain containing protein, expressed	NOTUM
GSMUA_Achr9T23740_001	chr9	459,51	117,50	-1,97	Putative Katanin p80 WD40 repeat-containing subunit B1 homolog 1	AT5G23430
GSMUA_Achr9T22480_001	chr9	593,02	151,52	-1,97	Putative uncharacterized protein	ANAE109_3424
GSMUA_Achr9T14160_001	chr9	836,29	211,30	-1,98	Putative Squamosa promoter-binding-like protein 12	SPL12
GSMUA_Achr2T02440_001	chr2	433,30	109,26	-1,99	Peroxidase 24	PER24

Anexo G - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr9T13500_001	chr9	322,72	80,40	-2,01	UDP-glucuronate 4-epimerase 1	GAE1
GSMUA_Achr6T27270_001	chr6	679,02	169,04	-2,01	3-ketoacyl-CoA synthase 4	KCS4
GSMUA_Achr11T23670_001	chr11	2739,8 4	675,12	-2,02	Peroxidase 4	GSVIVT00023967001
GSMUA_Achr7T18470_001	chr7	1108,2 2	272,11	-2,03	Probable galacturonosyltransferase-like 9	GATL9
GSMUA_Achr5T15920_001	chr5	1266,3 1	309,22	-2,03	Glucomannan 4-beta-mannosyltransferase 9	CSLA9
GSMUA_Achr10T24780_001	chr10	330,91	80,40	-2,04	Putative expressed protein	AT3G09070
GSMUA_Achr6T30200_001	chr6	901,81	218,51	-2,05	Probable xyloglucan glycosyltransferase 12	CSLC12
GSMUA_Achr4T22240_001	chr4	487,36	117,50	-2,05	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr10T24650_001	chr10	1344,1 2	323,65	-2,05	phosphate-induced protein 1 conserved region domain containing protein, expressed	AT1G63940
GSMUA_Achr6T01310_001	chr6	311,25	74,21	-2,07	MYB family transcription factor, putative, expressed	APL
GSMUA_Achr6T19450_001	chr6	1678,3 1	399,92	-2,07	Probable CCR4-associated factor 1 homolog 11	CAF1-11
GSMUA_AchrUn_randomT08840_001	chrUn_random	710,15	169,04	-2,07	glycosyltransferase, putative, expressed	AER61
GSMUA_Achr7T02250_001	chr7	461,15	109,26	-2,08	HEAT repeat family protein, putative, expressed	TOR1
GSMUA_Achr9T12260_001	chr9	5100,4 5	1206,97	-2,08	Probable cellulose synthase A catalytic subunit 3 [UDP-forming]	CESA3
GSMUA_Achr6T12910_001	chr6	888,71	210,27	-2,08	1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase	ACO2
GSMUA_Achr4T20150_001	chr4	919,83	216,45	-2,09	Transcription factor MYB44	MYB44
GSMUA_Achr9T25690_001	chr9	202,31	47,41	-2,09	Putative Non-specific lipid-transfer protein	AT2G13820
GSMUA_Achr4T02550_001	chr4	2389,2 7	559,68	-2,09	Probable rhamnose biosynthetic enzyme 1	RHM1
GSMUA_Achr5T04690_001	chr5	911,64	213,36	-2,10	Putative uncharacterized protein	GAE1
GSMUA_Achr11T09290_001	chr11	1149,1 8	267,99	-2,10	Putative Protein TIFY 10B	TIFY10B

Anexo G - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr6T32740_001	chr6	806,80	187,59	-2,10	helicase conserved C-terminal domain containing protein, expressed	UBIE
GSMUA_Achr11T24120_001	chr11	3151,84	732,84	-2,10	hs1, putative, expressed	KYNA
GSMUA_Achr6T21290_001	chr6	288,32	67,00	-2,11	expressed protein	C1ORF156
GSMUA_Achr1T08710_001	chr1	685,57	158,73	-2,11	Putative expressed protein	LOK
GSMUA_Achr4T17180_001	chr4	557,80	128,84	-2,11	Probable beta-1,3-galactosyltransferase 19	B3GALT19
GSMUA_Achr3T05220_001	chr3	1380,16	316,43	-2,12	Probable xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein 23	XTH23
GSMUA_Achr10T22560_001	chr10	589,74	135,02	-2,13	avr9/Cf-9 rapidly elicited protein, putative, expressed	THIE
GSMUA_Achr7T15620_001	chr7	381,69	86,58	-2,14	Pectinesterase/pectinesterase inhibitor PPE8B	PME32
GSMUA_Achr7T27040_001	chr7	611,04	138,12	-2,15	SEC14 cytosolic factor family protein, putative, expressed	RSC5
GSMUA_Achr5T02370_001	chr5	191,67	43,29	-2,15	PLA IIIA/PLP7, putative, expressed	PAT2-K2
GSMUA_Achr1T23080_001	chr1	1075,46	241,19	-2,16	Chloroplast-targeted copper chaperone, putative	R1B-17
GSMUA_Achr10T07480_001	chr10	1484,18	330,86	-2,17	Arginine decarboxylase	SPE2
GSMUA_Achr7T12040_001	chr7	439,03	96,89	-2,18	Putative uncharacterized protein Sb10g020480	AGO61
GSMUA_Achr4T13790_001	chr4	239,17	52,57	-2,19	LOB domain-containing protein 41	LBD41
GSMUA_Achr9T12130_001	chr9	464,42	102,04	-2,19	disease resistance protein, putative, expressed	RPP13L4
GSMUA_Achr8T29210_001	chr8	230,16	50,51	-2,19	Receptor histidine kinase, putative	ARR3
GSMUA_Achr4T02560_001	chr4	201,50	43,29	-2,22	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr10T15420_001	chr10	224,43	47,41	-2,24	Putative BTB/POZ domain-containing protein At1g30440	AT1G30440
GSMUA_Achr1T01710_001	chr1	371,86	78,33	-2,25	Putative Trehalose-phosphate phosphatase	OTSB
GSMUA_Achr8T13620_001	chr8	426,74	89,67	-2,25	Auxin response factor 12	ARF12
GSMUA_Achr5T02990_001	chr5	167,09	35,04	-2,25	expressed protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr4T32270_001	chr4	493,09	103,07	-2,26	Probable xyloglucan glycosyltransferase 12	CSLC12

Anexo G - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr8T13630_001	chr8	158,08	32,98	-2,26	Auxin response factor 12	ARF12
GSMUA_Achr4T18430_001	chr4	594,66	121,62	-2,29	Abscisic acid 8'-hydroxylase 1	CYP707A5
GSMUA_Achr3T04180_001	chr3	196,58	40,20	-2,29	Probable galacturonosyltransferase 4	GAUT4
GSMUA_Achr11T26320_001	chr11	193,30	39,17	-2,30	Metal transporter Nramp6	NRAMP6
GSMUA_Achr7T08810_001	chr7	401,35	80,40	-2,32	Predicted protein	LRX4
GSMUA_Achr6T24310_001	chr6	926,39	185,53	-2,32	Chitin-inducible gibberellin-responsive protein 1	CIGR1
GSMUA_AchrUn_randomT04440_001	chrUn_random	629,06	125,75	-2,32	Putative Cation transport regulator-like protein 2	CHAC2
GSMUA_Achr3T29520_001	chr3	620,05	123,69	-2,33	LOB domain-containing protein 41	LBD41
GSMUA_Achr4T06200_001	chr4	1111,50	221,60	-2,33	expressed protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr4T06220_001	chr4	1500,57	297,88	-2,33	Putative expressed protein	C7ORF58
GSMUA_Achr6T02470_001	chr6	326,00	63,90	-2,35	Putative U-box domain-containing protein 21	PUB21
GSMUA_Achr7T19420_001	chr7	265,38	51,54	-2,36	Putative expressed protein	PKNA
GSMUA_AchrUn_randomT21970_001	chrUn_random	281,77	54,63	-2,37	Flavonoid 3',5'-hydroxylase 2	CYP75A3
GSMUA_Achr11T14010_001	chr11	998,47	191,71	-2,38	Probable beta-D-xylosidase 2	BXL2
GSMUA_Achr1T06760_001	chr1	226,07	43,29	-2,38	Probable xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein 32	XTH32
GSMUA_Achr5T14600_001	chr5	177,74	34,01	-2,39	Putative Myb-related protein Myb4	MYB4
GSMUA_Achr10T27960_001	chr10	444,76	84,52	-2,40	Pollen-specific protein SF21	SF21
GSMUA_Achr7T12690_001	chr7	701,14	132,96	-2,40	Putative phosphate-induced protein 1 conserved region domain containing protein, expressed	COL29A1
GSMUA_Achr7T24010_001	chr7	2959,36	558,65	-2,41	expressed protein	HARBI1
GSMUA_Achr2T20200_001	chr2	142,52	26,80	-2,41	homeodomain, putative, expressed	ZKSCAN2
GSMUA_Achr4T11770_001	chr4	203,13	38,14	-2,41	Putative Ser/Thr-rich protein T10 in DGCR region	T10
GSMUA_Achr5T26080_001	chr5	494,73	92,76	-2,41	Putative Metallothiol transferase fosB 2	FOSB2

Anexo G - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr1T26140_001	chr1	153,99	28,86	-2,42	Putative Transcription factor MYB44	MYB44
GSMUA_Achr3T07760_001	chr3	121,22	22,68	-2,42	Putative Mechanosensory protein 2	MEC-2
GSMUA_Achr10T06050_001	chr10	788,78	147,39	-2,42	Putative Probable WRKY transcription factor 40	WRKY40
GSMUA_Achr3T13020_001	chr3	289,14	53,60	-2,43	Putative nitrate-induced NOI protein, expressed	RIN4
GSMUA_Achr6T07590_001	chr6	335,83	61,84	-2,44	Hypothetical protein	MKKA
GSMUA_Achr11T22960_001	chr11	146,62	26,80	-2,45	Expansin-A8	EXPA8
GSMUA_Achr9T07910_001	chr9	1208,97	220,57	-2,45	Hypothetical protein	FABH
GSMUA_Achr8T21110_001	chr8	386,61	70,09	-2,46	Omega-3 fatty acid desaturase, chloroplastic	FAD7
GSMUA_Achr6T07600_001	chr6	468,52	84,52	-2,47	STE_MEKK_stc11_MAP3K8 - STE kinases include homologs to sterile 7, sterile 11 and sterile 20 from yeast, expressed	MKKA
GSMUA_Achr10T01300_001	chr10	434,93	78,33	-2,47	Hypothetical protein	PHRF1
GSMUA_Achr7T16430_001	chr7	1851,13	331,89	-2,48	Probable xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein 23	XTH23
GSMUA_Achr6T07480_001	chr6	132,69	23,71	-2,48	Cytochrome P450 (Fragment)	CYP94A1
GSMUA_Achr1T03670_001	chr1	556,98	98,95	-2,49	hydrolase, alpha/beta fold family protein, putative, expressed	NADE
GSMUA_Achr1T08980_001	chr1	175,28	30,92	-2,50	Hypothetical protein	GATA9
GSMUA_Achr3T06970_001	chr3	386,61	68,03	-2,51	Abscisic acid 8'-hydroxylase 3	CYP707A7
GSMUA_Achr10T02080_001	chr10	482,44	84,52	-2,51	Probable protein phosphatase 2C 2	OS01G0295700
GSMUA_Achr6T30960_001	chr6	665,10	115,44	-2,53	Cation transporter HKT2	HKT2
GSMUA_Achr6T01000_001	chr6	558,62	94,83	-2,56	Probable inositol oxygenase	OS06G0561000
GSMUA_Achr6T14580_001	chr6	134,33	22,68	-2,57	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr10T18920_001	chr10	199,86	32,98	-2,60	expressed protein	PPA
GSMUA_Achr11T01850_001	chr11	99,93	16,49	-2,60	Putative Abietadienol/abietadienal oxidase	CYP720B1
GSMUA_Achr10T24630_001	chr10	380,06	61,84	-2,62	phosphate-induced protein 1 conserved region domain containing protein, expressed	FPRA

Anexo G - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr4T23040_001	chr4	101,57	16,49	-2,62	Fe(2+) transport protein 2	IRT2
GSMUA_Achr6T18730_001	chr6	882,16	142,24	-2,63	Beta-galactosidase 3	OS01G0875500
GSMUA_Achr7T08070_001	chr7	448,86	72,15	-2,64	stress-induced protein, putative, expressed	UVRA
GSMUA_Achr6T09210_001	chr6	115,49	18,55	-2,64	Putative LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase FLS2	FLS2
GSMUA_Achr1T01490_001	chr1	925,57	148,42	-2,64	glycosyl transferase 8 domain containing protein, putative, expressed	GYG2
GSMUA_Achr3T26180_001	chr3	131,05	20,61	-2,67	Putative helix-loop-helix DNA-binding domain containing protein, expressed	BHLH25
GSMUA_Achr5T29640_001	chr5	648,72	102,04	-2,67	Whole genome shotgun sequence of line PN40024, scaffold_4.assembly12x (Fragment)	WNK5
GSMUA_Achr6T30570_001	chr6	144,98	22,68	-2,68	no apical meristem protein, putative, expressed	NAC098
GSMUA_Achr9T14250_001	chr9	867,41	133,99	-2,69	Probable pectinesterase/pectinesterase inhibitor 35	PME35
GSMUA_Achr5T22180_001	chr5	2617,80	403,01	-2,70	Hypothetical protein	HARBI1
GSMUA_Achr9T19880_001	chr9	101,57	15,46	-2,72	expressed protein	PF11_0240
GSMUA_Achr5T21160_001	chr5	613,50	91,73	-2,74	Hypothetical protein	MARCH3
GSMUA_Achr9T29920_001	chr9	124,50	18,55	-2,75	Cyclic nucleotide-gated ion channel 4	CNGC4
GSMUA_Achr4T13040_001	chr4	877,24	129,87	-2,76	Putative ADP-ribosylation factor GTPase-activating protein AGD12	AGD12
GSMUA_Achr10T11100_001	chr10	237,53	35,04	-2,76	Putative Cytochrome P450 94A1	CYP94A1
GSMUA_Achr7T14140_001	chr7	335,83	49,47	-2,76	Putative Probable WRKY transcription factor 41	WRKY41
GSMUA_Achr11T25550_001	chr11	1081,19	158,73	-2,77	Peroxidase 3	PER3
GSMUA_Achr10T08330_001	chr10	1530,87	224,70	-2,77	Probable xyloglucan glycosyltransferase 12	CSLC12
GSMUA_Achr6T05710_001	chr6	828,91	120,59	-2,78	Putative OsWRKY69 - Superfamily of TFs having WRKY and zinc finger domains, expressed	WRKY41
GSMUA_Achr7T12480_001	chr7	1072,18	154,61	-2,79	Nudix hydrolase 21, chloroplastic	NUDT21

Anexo G - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr5T26850_001	chr5	86,00	12,37	-2,80	Putative AP2/ERF domain-containing transcription factor	ERF4
GSMUA_Achr2T10710_001	chr2	100,75	14,43	-2,80	lysM domain containing protein, putative, expressed	LYSMD2
GSMUA_Achr5T07590_001	chr5	864,95	120,59	-2,84	NAC domain-containing protein 68	NAC68
GSMUA_Achr6T33100_001	chr6	4534,4 6	622,55	-2,86	Mitogen-activated protein kinase 5	MPK5
GSMUA_Achr5T20360_001	chr5	180,20	24,74	-2,86	Uncharacterized calcium-binding protein At1g02270	AT1G02270
GSMUA_Achr11T03610_001	chr11	75,36	10,31	-2,87	Putative Probable salt tolerance-like protein At1g75540	AT1G75540
GSMUA_Achr10T15880_001	chr10	499,64	68,03	-2,88	Putative expressed protein	OS10G0513300
GSMUA_Achr6T26910_001	chr6	204,77	27,83	-2,88	Potassium channel KAT1	KAT1
GSMUA_Achr3T03930_001	chr3	106,48	14,43	-2,88	EF hand family protein, putative, expressed	CML22
GSMUA_Achr7T22130_001	chr7	674,93	90,70	-2,90	Putative U-box domain-containing protein 16	PUB16
GSMUA_Achr6T00970_001	chr6	430,02	57,72	-2,90	Pollen-specific protein SF21	SF21
GSMUA_Achr5T21880_001	chr5	218,70	28,86	-2,92	Probable xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein 23	XTH23
GSMUA_Achr10T24660_001	chr10	250,64	32,98	-2,93	phosphate-induced protein 1 conserved region domain containing protein, expressed	SPT5
GSMUA_Achr8T22610_001	chr8	671,65	87,61	-2,94	Putative Formin-like protein 8	FH8
GSMUA_Achr7T12670_001	chr7	519,30	67,00	-2,95	Hypothetical protein	ERLEC1
GSMUA_Achr9T07530_001	chr9	1568,5 5	197,90	-2,99	glycosyl transferase family 17 protein, putative, expressed	MGAT3
GSMUA_Achr10T21470_001	chr10	81,91	10,31	-2,99	Hypothetical protein	DREB3
GSMUA_Achr5T11330_001	chr5	65,53	8,25	-2,99	LOB domain-containing protein 30	LBD30
GSMUA_Achr7T04640_001	chr7	66,35	8,25	-3,01	Putative Auxin-induced protein 5NG4	ROK1
GSMUA_Achr7T03220_001	chr7	1222,9 0	151,52	-3,01	Putative E3 ubiquitin-protein ligase PUB23	PUB23
GSMUA_Achr6T02710_001	chr6	718,34	88,64	-3,02	Gibberellin-regulated protein 4	GASA4
GSMUA_Achr7T19320_001	chr7	67,17	8,25	-3,03	Ethylene-responsive transcription factor ERF003	ERF003

Anexo G - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr8T11820_001	chr8	220,33	26,80	-3,04	AAA-type ATPase family protein, putative, expressed	SPAC644.07
GSMUA_Achr10T28690_001	chr10	1160,64	140,18	-3,05	stress-induced protein, putative, expressed	TIF32
GSMUA_Achr5T29630_001	chr5	453,77	54,63	-3,05	Putative DUF623 domain containing protein, expressed	THRS
GSMUA_Achr10T04720_001	chr10	181,84	21,65	-3,07	NAC-domain protein	NAC090
GSMUA_Achr3T08760_001	chr3	208,05	24,74	-3,07	Cytokinin dehydrogenase 4	CKX4
GSMUA_Achr10T15640_001	chr10	87,64	10,31	-3,09	Putative Glucan endo-1,3-beta-glucosidase 14	AT2G27500/F10A12.18
GSMUA_Achr7T04470_001	chr7	194,12	22,68	-3,10	Putative domain of unknown function DUF966 domain containing protein, expressed	CRAMP1L
GSMUA_Achr1T25180_001	chr1	123,68	14,43	-3,10	ATP synthase F1, delta subunit family protein, putative, expressed	ATPD
GSMUA_Achr1T23890_001	chr1	53,24	6,18	-3,11	Phosphoribulokinase, chloroplastic	AT1G32060
GSMUA_Achr4T32130_001	chr4	267,02	30,92	-3,11	Putative Kinesin-like protein KIF19	KIF19
GSMUA_AchrUn_randomT29140_001	chrUn_random	169,55	19,58	-3,11	Peroxidase 70	PER70
GSMUA_Achr3T15840_001	chr3	196,58	22,68	-3,12	Putative Whole genome shotgun sequence of line PN40024, scaffold_46.assembly12x (Fragment)	WRKY41
GSMUA_Achr8T21120_001	chr8	143,34	16,49	-3,12	Omega-3 fatty acid desaturase, chloroplastic	FAD7
GSMUA_Achr10T15040_001	chr10	233,44	26,80	-3,12	Probable pectinesterase/pectinesterase inhibitor 34	PME34
GSMUA_Achr3T22390_001	chr3	111,40	12,37	-3,17	Putative Filament-like plant protein 3	FPP3
GSMUA_AchrUn_randomT13100_001	chrUn_random	389,88	43,29	-3,17	Putative DnaJ protein	ATJ8
GSMUA_Achr4T26690_001	chr4	149,07	16,49	-3,18	Probable pectate lyase 15	AT4G13710
GSMUA_Achr4T25670_001	chr4	113,03	12,37	-3,19	Putative Filament-like plant protein 4	FPP4
GSMUA_Achr6T13130_001	chr6	229,34	24,74	-3,21	Putative Momilactone A synthase	OS04G0179200
GSMUA_Achr7T25650_001	chr7	651,99	70,09	-3,22	Putative calcium-transporting ATPase 13, plasma membrane-type	ACA13
GSMUA_Achr9T12620_001	chr9	154,81	16,49	-3,23	EF hand family protein, putative, expressed	CML16
GSMUA_Achr11T20190_001	chr11	139,24	14,43	-3,27	Putative expressed protein	NIP1

Anexo G - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr10T26130_001	chr10	81,91	8,25	-3,31	Monothiol glutaredoxin-S3	GRXS3
GSMUA_Achr10T22630_001	chr10	410,36	41,23	-3,32	Expansin-A4	EXPA4
GSMUA_Achr4T17920_001	chr4	759,29	76,27	-3,32	membrane related protein CP5, putative, expressed	STARD7
GSMUA_Achr4T07870_001	chr4	1113,9 6	111,32	-3,32	Mannan endo-1,4-beta-mannosidase 1	MAN1
GSMUA_Achr3T24000_001	chr3	206,41	20,61	-3,32	Putative Protein LURP-one-related 11	AT3G14260
GSMUA_Achr4T24540_001	chr4	227,71	22,68	-3,33	Dihydroflavonol-4-reductase	DFR
GSMUA_Achr10T23480_001	chr10	2361,4 2	235,00	-3,33	Probable xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein 23	XTH23
GSMUA_Achr1T24800_001	chr1	1344,9 4	132,96	-3,34	long cell-linked locus protein, putative, expressed	PRP5
GSMUA_Achr4T29150_001	chr4	666,74	64,94	-3,36	1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase	ACS1
GSMUA_Achr3T05200_001	chr3	2231,1 9	215,42	-3,37	Probable xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein 23	XTH23
GSMUA_Achr3T05900_001	chr3	44,23	4,12	-3,42	Hypothetical protein	HOXA5
GSMUA_Achr1T24810_001	chr1	1299,0 7	120,59	-3,43	long cell-linked locus protein, putative, expressed	KIF19
GSMUA_Achr8T17930_001	chr8	599,57	55,66	-3,43	calmodulin binding protein, putative, expressed	ISPG
GSMUA_Achr5T07340_001	chr5	226,07	20,61	-3,46	Protein phosphatase 2c, putative	OS03G0292100
GSMUA_Achr7T03230_001	chr7	126,96	11,34	-3,49	E3 ubiquitin-protein ligase PUB22	PUB22
GSMUA_Achr1T14570_001	chr1	1277,7 7	113,38	-3,49	expressed protein	MCD4
GSMUA_Achr6T32430_001	chr6	570,08	50,51	-3,50	Hypothetical protein	Y-1
GSMUA_Achr3T15750_001	chr3	670,01	58,75	-3,51	Putative uncharacterized protein	AOC3
GSMUA_Achr10T04450_001	chr10	47,51	4,12	-3,53	Hypothetical protein	ERF020
GSMUA_Achr8T12340_001	chr8	95,01	8,25	-3,53	Thylakoid membrane phosphoprotein 14 kDa, chloroplastic	TMP14
GSMUA_Achr4T16980_001	chr4	72,08	6,18	-3,54	Putative Transcription factor MYC4	BHLH4

Anexo G - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr5T11190_001	chr5	783,05	67,00	-3,55	Putative expressed protein	MTMR4
GSMUA_Achr7T15590_001	chr7	1133,6 1	96,89	-3,55	Probable protein phosphatase 2C 32	OS03G0292100
GSMUA_Achr6T31200_001	chr6	513,57	43,29	-3,57	Putative Protein TIFY 5A	TIFY5A
GSMUA_Achr9T20250_001	chr9	50,78	4,12	-3,62	Putative Serine/threonine-protein phosphatase 2A regulatory subunit B" subunit gamma	PPP2R3C
GSMUA_Achr9T13820_001	chr9	2284,4 3	184,50	-3,63	Probable xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein 23	XTH23
GSMUA_Achr3T23000_001	chr3	796,97	63,90	-3,64	Putative Caltractin (Fragment)	CETN1
GSMUA_Achr1T10080_001	chr1	1645,5 4	129,87	-3,66	Putative Probable WRKY transcription factor 40	WRKY40
GSMUA_Achr3T12510_001	chr3	78,63	6,18	-3,67	Hypothetical protein	PTX3
GSMUA_Achr11T02650_001	chr11	54,06	4,12	-3,71	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr9T19520_001	chr9	54,06	4,12	-3,71	Whole genome shotgun sequence of line PN40024, scaffold_14.assembly12x (Fragment)	NAC018
GSMUA_Achr9T00270_001	chr9	425,11	31,95	-3,73	Putative uncharacterized protein	FOSB
GSMUA_Achr5T00840_001	chr5	586,47	43,29	-3,76	Probable galacturonosyltransferase 10	GAUT10
GSMUA_Achr1T24700_001	chr1	180,20	12,37	-3,86	long cell-linked locus protein, putative, expressed	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr1T27980_001	chr1	1522,6 8	103,07	-3,88	Putative Probable WRKY transcription factor 41	WRKY41
GSMUA_Achr3T02140_001	chr3	1009,1 1	68,03	-3,89	Putative Protein TIFY 10A	TIFY10A
GSMUA_AchrUn_randomT05330_001	chrUn_random	398,89	26,80	-3,90	Putative Transmembrane protein 53-B	TMEM53-B
GSMUA_Achr9T16020_001	chr9	1887,9 9	125,75	-3,91	Putative lipoxygenase 5	OS04G0447100
GSMUA_AchrUn_randomT28620_001	chrUn_random	31,13	2,06	-3,92	Putative polyprotein	ORF
GSMUA_Achr3T14310_001	chr3	32,76	2,06	-3,99	cystathionin beta synthase protein, putative, expressed	EDD
GSMUA_Achr9T02840_001	chr9	32,76	2,06	-3,99	Putative F-box protein At1g61340	AT1G61340

Anexo G - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr8T20230_001	chr8	49,96	3,09	-4,01	Putative Cytochrome P450 93A1	CYP93A1
GSMUA_Achr6T02310_001	chr6	502,92	30,92	-4,02	Hypothetical protein	ERF112
GSMUA_Achr11T03200_001	chr11	33,58	2,06	-4,03	Dehydration-responsive element-binding protein 1G	DREB1G
GSMUA_Achr6T10730_001	chr6	1348,2 2	81,43	-4,05	Expansin-A15	EXP15
GSMUA_Achr10T14020_001	chr10	51,60	3,09	-4,06	Putative Multidrug and toxin extrusion protein 1	SLC47A1
GSMUA_Achr9T21430_001	chr9	209,69	12,37	-4,08	calmodulin binding protein, putative, expressed	OBSCN
GSMUA_Achr3T26220_001	chr3	235,90	12,37	-4,25	Probable xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein 7	XTH7
GSMUA_Achr3T29320_001	chr3	561,07	27,83	-4,33	Putative Transcription factor bHLH92	BHLH92
GSMUA_Achr6T02980_001	chr6	375,14	18,55	-4,34	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr1T21130_001	chr1	555,34	26,80	-4,37	calmodulin binding protein, putative, expressed	ZCCHC6
GSMUA_Achr1T27900_001	chr1	263,75	12,37	-4,41	Putative Calcium-binding protein CML38	CML38
GSMUA_Achr4T13370_001	chr4	312,89	14,43	-4,44	Putative STE_MEKK_stc11_MAP3K.8 - STE kinases include homologs to sterile 7, sterile 11 and sterile 20 from yeast, expressed	ANP1
GSMUA_Achr6T13080_001	chr6	1437,5 0	60,81	-4,56	Putative expressed protein	SMC4
GSMUA_Achr3T07870_001	chr3	203,95	8,25	-4,63	Putative lipoxygenase 5	OS04G0447100
GSMUA_Achr5T03920_001	chr5	452,14	16,49	-4,78	Myb-related protein Myb4	MYB4
GSMUA_Achr8T20220_001	chr8	321,90	11,34	-4,83	Putative Flavonoid 3',5'-hydroxylase 1	CYP75A1
GSMUA_Achr2T12970_001	chr2	58,97	2,06	-4,84	Putative Protein TIFY 5A	TIFY5A
GSMUA_Achr5T06470_001	chr5	362,86	12,37	-4,87	Hypothetical protein	ADAMTS10
GSMUA_Achr5T16800_001	chr5	245,73	8,25	-4,90	Putative Cytochrome P450 94A1	CYP94A1
GSMUA_Achr6T20900_001	chr6	561,89	16,49	-5,09	Hypothetical protein	TIFY9
GSMUA_Achr11T04930_001	chr11	549,61	14,43	-5,25	MYB family transcription factor, putative, expressed	MYB305
GSMUA_Achr9T11680_001	chr9	40,14	1,03	-5,28	patatin-like phospholipase family protein, expressed	PNPLA8

Anexo G - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_AchrUn_randomT14900_001	chrUn_random	493,91	12,37	-5,32	Putative ()-delta-cadinene synthase isozyme A	CAD1-A
GSMUA_Achr2T19180_001	chr2	534,04	12,37	-5,43	Mannose-1-phosphate guanyltransferase beta	GMPPB
GSMUA_Achr11T04340_001	chr11	96,65	2,06	-5,55	14 kDa proline-rich protein DC2.15	TPRP-F1
GSMUA_Achr3T20800_001	chr3	863,32	16,49	-5,71	Putative Transcription factor bHLH36	BHLH36
GSMUA_AchrUn_randomT28980_001	chrUn_random	385,79	4,12	-6,55	Putative ()-delta-cadinene synthase C2	CAD1-C2
GSMUA_Achr8T11980_001	chr8	298,97	3,09	-6,60	Dehydration-responsive element-binding protein 1E	DREB1E
GSMUA_Achr10T01370_001	chr10	0,00	9,28	Inf	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr10T02890_001	chr10	0,00	18,55	Inf	Hypothetical protein	RSAD1
GSMUA_Achr10T10720_001	chr10	0,00	9,28	Inf	Putative serine/threonine-protein kinase/receptor R831	MIMI_R831
GSMUA_Achr10T13190_001	chr10	0,00	26,80	Inf	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr10T24990_001	chr10	0,00	8,25	Inf	Hypothetical protein	YTM1
GSMUA_Achr11T02890_001	chr11	0,00	14,43	Inf	30S ribosomal protein S11, chloroplastic	RPS11
GSMUA_Achr11T08600_001	chr11	0,00	8,25	Inf	ubiquitin-associated protein, putative, expressed	UBXN1
GSMUA_Achr11T14670_001	chr11	0,00	10,31	Inf	4-coumarate--CoA ligase-like 3	4CLL3
GSMUA_Achr11T19140_001	chr11	0,00	32,98	Inf	Hypothetical protein	YCF2-A
GSMUA_Achr11T19730_001	chr11	0,00	12,37	Inf	SAG20, putative, expressed	TPIA
GSMUA_Achr11T22580_001	chr11	0,00	8,25	Inf	Putative C-4 methylsterol oxidase DDB_G0269788	DDB_G0269788
GSMUA_Achr11T26450_001	chr11	0,00	12,37	Inf	no apical meristem protein, putative, expressed	FEZ
GSMUA_Achr1T05060_001	chr1	0,00	14,43	Inf	Putative Hydroquinone glucosyltransferase	AS
GSMUA_Achr1T18440_001	chr1	0,00	10,31	Inf	Beta-glucosidase-like SFR2, chloroplastic	SFR2
GSMUA_Achr3T05530_001	chr3	0,00	8,25	Inf	Putative uncharacterized protein	ARG7
GSMUA_Achr3T05990_001	chr3	0,00	22,68	Inf	Putative Nitrate transporter 1.1	NRT1.1
GSMUA_Achr3T06080_001	chr3	0,00	12,37	Inf	Hypothetical protein	MIAB

Anexo G - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr3T18690_001	chr3	0,00	18,55	Inf	Putative Glycerophosphodiester phosphodiesterase GDE1	GDE1
GSMUA_Achr4T07930_001	chr4	0,00	10,31	Inf	Putative Predicted protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr4T13430_001	chr4	0,00	11,34	Inf	Similar to ATP synthase subunit H protein	VHA-17
GSMUA_Achr4T14790_001	chr4	0,00	8,25	Inf	Hypothetical protein	GPATCH4
GSMUA_Achr5T17620_001	chr5	0,00	12,37	Inf	Hypothetical protein	MIA3
GSMUA_Achr5T22790_001	chr5	0,00	8,25	Inf	Putative glutamine amidotransferase YLR126C	YLR126C
GSMUA_Achr6T18820_001	chr6	0,00	10,31	Inf	Putative Protein RSI-1	RSI-1
GSMUA_Achr6T25200_001	chr6	0,00	15,46	Inf	SEC14 cytosolic factor family protein, putative, expressed	RSC5
GSMUA_Achr6T28480_001	chr6	0,00	8,25	Inf	Adenylate kinase B	ADK-B
GSMUA_Achr7T08180_001	chr7	0,00	12,37	Inf	ternary complex factor MIP1, putative, expressed	C28H8.11
GSMUA_Achr7T17220_001	chr7	0,00	8,25	Inf	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr8T01730_001	chr8	0,00	8,25	Inf	Putative WRKY transcription factor 55	WRKY55
GSMUA_Achr8T03410_001	chr8	0,00	8,25	Inf	Hypothetical protein	KIF2B
GSMUA_Achr8T04020_001	chr8	0,00	10,31	Inf	Putative DUF623 domain containing protein	LDH
GSMUA_Achr8T13670_001	chr8	0,00	57,72	Inf	Maturase K	MATK
GSMUA_Achr9T05750_001	chr9	0,00	44,32	Inf	DUF584 domain containing protein, putative, expressed	LPTD
GSMUA_Achr9T24000_001	chr9	0,00	12,37	Inf	expressed protein	TAL
GSMUA_Achr9T24660_001	chr9	0,00	8,25	Inf	Hypothetical protein	DRS1
GSMUA_AchrUn_randomT01310_001	chrUn_random	0,00	10,31	Inf	Putative Limonoid UDP-glucosyltransferase	AT1G05670
GSMUA_AchrUn_randomT03160_001	chrUn_random	0,00	8,25	Inf	DNA-directed RNA polymerase subunit beta'	RPOC1
GSMUA_AchrUn_randomT03610_001	chrUn_random	0,00	9,28	Inf	Putative Probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At1g12460	AT1G12460
GSMUA_AchrUn_randomT05620_001	chrUn_random	0,00	8,25	Inf	Hypothetical protein	PSBC
GSMUA_AchrUn_randomT10120_001	chrUn_random	0,00	9,28	Inf	Hypothetical protein	RPLQ

Anexo G - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_AchrUn_randomT10690_001	chrUn_random	0,00	81,43	Inf	Apocytochrome f	PETA
GSMUA_AchrUn_randomT15160_001	chrUn_random	0,00	26,80	Inf	Hypothetical protein	AT1G14600
GSMUA_AchrUn_randomT19540_001	chrUn_random	0,00	12,37	Inf	Putative uncharacterized protein	E1
GSMUA_AchrUn_randomT19680_001	chrUn_random	0,00	8,25	Inf	Hypothetical protein	AT1G08170
GSMUA_AchrUn_randomT20210_001	chrUn_random	0,00	10,31	Inf	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_AchrUn_randomT21080_001	chrUn_random	0,00	8,25	Inf	Whole genome shotgun sequence of line PN40024, scaffold_4.assembly12x (Fragment)	MYB46
GSMUA_AchrUn_randomT21790_001	chrUn_random	0,00	93,80	Inf	Photosystem I P700 chlorophyll a apoprotein A1	PSAA
GSMUA_AchrUn_randomT26340_001	chrUn_random	0,00	8,25	Inf	Putative SH3 domain-containing YSC84-like protein 1	SH3YL1
GSMUA_AchrUn_randomT27200_001	chrUn_random	0,00	12,37	Inf	DNA-directed RNA polymerase subunit alpha	RPOA
GSMUA_AchrUn_randomT29040_001	chrUn_random	0,00	22,68	Inf	NAD(P)H-quinone oxidoreductase subunit I, chloroplastic	NDHI
GSMUA_AchrUn_randomT29200_001	chrUn_random	0,00	9,28	Inf	Putative Cytokinin-O-glucosyltransferase 2	UGT85A1
GSMUA_Achr10T07060_001	chr10	18,02	0,00	-Inf	Putative disease resistance protein RGA4	RGA1
GSMUA_Achr11T08070_001	chr11	18,02	0,00	-Inf	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr11T26230_001	chr11	59,79	0,00	-Inf	Chalcone synthase 2	CHS2
GSMUA_Achr1T01930_001	chr1	15,56	0,00	-Inf	Hypothetical protein	SCPL34
GSMUA_Achr1T13940_001	chr1	14,74	0,00	-Inf	Hypothetical protein	AT1G01540
GSMUA_Achr1T16530_001	chr1	18,02	0,00	-Inf	Whole genome shotgun sequence of line PN40024, scaffold_7.assembly12x (Fragment)	TT1
GSMUA_Achr2T11930_001	chr2	34,40	0,00	-Inf	Expansin-B15	EXPB15
GSMUA_Achr2T20280_001	chr2	29,49	0,00	-Inf	AP2/ERF domain-containing transcription factor	DREB1F
GSMUA_Achr4T00460_001	chr4	14,74	0,00	-Inf	Extracellular ribonuclease LE	RNS1
GSMUA_Achr4T04610_001	chr4	14,74	0,00	-Inf	Putative Probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At4g31250	AT4G31250
GSMUA_Achr4T07690_001	chr4	18,02	0,00	-Inf	Myrcene synthase, chloroplastic	TPS27

Anexo G - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(continuação)

GeneID	Cromos.	'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr4T08090_001	chr4	19,66	0,00	-Inf	Putative Myrcene synthase, chloroplastic	ISPS
GSMUA_Achr4T10650_001	chr4	16,38	0,00	-Inf	Putative calcium-transporting ATPase 12, plasma membrane-type	ACA12
GSMUA_Achr4T22100_001	chr4	21,30	0,00	-Inf	Putative Probable polygalacturonase At1g80170	AT1G80170
GSMUA_Achr4T23970_001	chr4	34,40	0,00	-Inf	Putative Peroxidase 27	PER27
GSMUA_Achr4T31470_001	chr4	19,66	0,00	-Inf	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit beta	PDHB
GSMUA_Achr5T03910_001	chr5	79,45	0,00	-Inf	Hypothetical protein	AMIGO1
GSMUA_Achr5T09150_001	chr5	14,74	0,00	-Inf	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr5T10210_001	chr5	19,66	0,00	-Inf	Hypothetical protein	COPA
GSMUA_Achr5T15150_001	chr5	21,30	0,00	-Inf	Hypothetical protein	MADS25
GSMUA_Achr6T02140_001	chr6	14,74	0,00	-Inf	Putative 2-aminoethanethiol dioxygenase	ADO
GSMUA_Achr6T13070_001	chr6	32,76	0,00	-Inf	Putative Auxin-induced protein 5NG4	MSCL
GSMUA_Achr6T20430_001	chr6	16,38	0,00	-Inf	Putative Whole genome shotgun sequence of line PN40024, scaffold_77.assembly12x (Fragment)	ZMYM1
GSMUA_Achr6T22180_001	chr6	22,12	0,00	-Inf	CobW/P47K family protein, putative, expressed	UREG
GSMUA_Achr6T27380_001	chr6	69,62	0,00	-Inf	Putative DNA ligase	LIGA
GSMUA_Achr6T30850_001	chr6	150,71	0,00	-Inf	Probable xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein 23	XTH23
GSMUA_Achr6T30860_001	chr6	14,74	0,00	-Inf	Putative uncharacterized protein Sb06g031180	AT5G39030
GSMUA_Achr7T00630_001	chr7	24,57	0,00	-Inf	Putative Whole genome shotgun sequence of line PN40024, scaffold_1.assembly12x (Fragment)	OXAA
GSMUA_Achr7T01230_001	chr7	14,74	0,00	-Inf	Hypothetical protein	TIFY5A
GSMUA_Achr7T01830_001	chr7	22,93	0,00	-Inf	Whole genome shotgun sequence of line PN40024, scaffold_20.assembly12x (Fragment)	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr7T06650_001	chr7	22,12	0,00	-Inf	MSP domain containing protein, expressed	SPBC16G5.05C

Anexo G - Identificação dos genes diferencialmente expressos (p-value menor que 0,05%) exclusivos da cultivar ‘BRS Platina’, especificando o GeneID, localização do transcrito no cromossomo, o valor de expressão do transcrito na amostra controle (C) e inoculada (I), a razão do valor de expressão da amostra inoculada em relação ao controle (\log_2 fold-change), a descrição do gene e o gene

(conclusão)

GeneID	Cromos.	'BRS Platina'			Descrição	Gene
		C	I	\log_2 Fold Change		
GSMUA_Achr7T06900_001	chr7	14,74	0,00	-Inf	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr7T11300_001	chr7	19,66	0,00	-Inf	Type I inositol-1,4,5-trisphosphate 5-phosphatase CVP2	CVP2
GSMUA_Achr8T12250_001	chr8	28,67	0,00	-Inf	ferric-chelate reductase, putative, expressed	NOX1
GSMUA_Achr8T13200_001	chr8	18,02	0,00	-Inf	Putative expressed protein	SYP24
GSMUA_Achr8T13640_001	chr8	15,56	0,00	-Inf	Hypothetical protein	DESCONHECIDO
GSMUA_Achr8T16250_001	chr8	83,55	0,00	-Inf	Putative Ethylene-responsive transcription factor ERF021	ERF021
GSMUA_Achr8T26290_001	chr8	24,57	0,00	-Inf	Hypothetical protein	HEXB1
GSMUA_AchrUn_randomT18040_001	chrUn_random	193,30	0,00	-Inf	Putative ()-delta-cadinene synthase isozyme A	CAD1-A
GSMUA_AchrUn_randomT27640_001	chrUn_random	22,12	0,00	-Inf	Putative Cytochrome P450 71A1	CYP71A1