

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

Caracterização do proteoma de folhas, caules e raízes de plantas de *Eucalyptus grandis* sob déficit hídrico

Andressa Fernanda Ducatti de Gois

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

Piracicaba
2021

Andressa Fernanda Ducatti de Gois
Bacharela em Ciências Biológicas

Caracterização do proteoma de folhas, caules e raízes de plantas de *Eucalyptus grandis* sob
déficit hídrico

versão revisada de acordo com a resolução CoPGr 6018 de 2011

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

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

Piracicaba
2021

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
DIVISÃO DE BIBLIOTECA – DIBD/ESALQ/USP**

Gois, Andressa Fernanda Ducatti

Caracterização do proteoma de folhas, caules e raízes de plantas de *Eucalyptus grandis* sob déficit hídrico / Andressa Fernanda Ducatti de Gois. - - versão revisada de acordo com a resolução CoPGr 6018 de 2011.- - Piracicaba, 2021.

191 p.

Dissertação (Mestrado) - - USP / Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz".

1. Eucalipto 2. Proteômica quantitativa *Label-free* 3. Estresse hídrico I. Título

AGRADECIMENTOS

Gostaria de agradecer a todos que me ajudaram de alguma forma na realização deste trabalho. Agradeço ao Professor Carlos Labate pela orientação e aprendizado ao longo desses três anos de convívio.

Gostaria de agradecer a todos do laboratório Max Feffer ao longo desses três anos: Thaís, Fabrício, Juliana, Ana, Hana, Alline, Gustavo, Vanessa, Ilara, Mônica e Thalita, por esses anos de convívio, amizade e ajuda no dia a dia. Em especial à Thaís e ao Fabrício, sempre dispostos a ajudar, e que contribuíram muito para que esse trabalho fosse concluído.

Agradeço aos meus pais, meus irmãos e aos meus sogros pela torcida, compreensão e apoio desde a graduação. Agradeço ao André por todos esses mais de oito anos ao meu lado, me apoiando e me incentivando sempre, e comprando chocolate nos dias em que eu não estava bem.

Agradeço aos meus amigos da C.M: Giovani, Luís, Muriel, Bruna, Keldmy e Jéssica por todos esses anos de amizade, risadas, apelidos criativos e piqueniques, sempre seguindo o lema “Um dia de cada vez”.

E agradeço ao CNPQ pelo suporte financeiro neste projeto.

Sumário

RESUMO.....	5
ABSTRACT	6
1. INTRODUÇÃO	7
2. OBJETIVOS	9
3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	11
3.1. <i>Eucalipto</i>	11
3.2. <i>Déficit hídrico</i>	13
3.3. <i>Proteômica</i>	15
4. MATERIAL E MÉTODOS	21
4.1. <i>Área de estudo e amostras</i>	21
4.2. <i>Medidas de trocas gasosas</i>	21
4.3. <i>Coleta de material vegetal</i>	22
4.4. <i>Extração das proteínas</i>	22
4.5. <i>Digestão tríplica e purificação das amostras</i>	23
4.6. <i>LC-MS^E</i>	24
4.7. <i>Análise de Dados</i>	25
4.8. <i>Análise Estatísticas</i>	26
4.9. <i>Anotação e Categorização Funcional</i>	27
5. RESULTADOS	28
5.1. <i>Medidas de Trocas Gasosas</i>	28
5.2. <i>Proteoma Foliar</i>	30
5.2.1. <i>Análise entre tratamentos (Controle e Estressado)</i>	30
5.2.2. <i>Análise entre genótipos (Suscetível e Tolerante)</i>	38
5.3. <i>Proteoma Caulinar</i>	41
5.3.1. <i>Análise entre tratamentos (Controle e Estressado)</i>	41
5.3.2. <i>Análise entre genótipos (Suscetível e Tolerante)</i>	48
5.4. <i>Proteoma Radicular</i>	51
5.4.1. <i>Análise entre tratamentos (Controle e Estressado)</i>	51
5.4.2. <i>Análise entre genótipos (Suscetível e Tolerante)</i>	59
6. DISCUSSÃO	63
6.1. <i>Medidas de Trocas Gasosas</i>	63
6.2. <i>Proteoma Foliar</i>	64
6.3. <i>Proteoma Caulinar</i>	69
6.4. <i>Proteoma Radicular</i>	74
7. CONCLUSÃO.....	80
REFERÊNCIAS.....	82
ANEXOS	125

RESUMO

Caracterização do proteoma de folhas, caules e raízes de plantas *Eucalyptus grandis* sob déficit hídrico

O setor florestal é de grande importância para a economia brasileira, tendo esse setor um PIB de mais de R\$86 bilhões, correspondendo a 1,3% do PIB brasileiro e 6,9% do PIB Industrial no país. Entre as diversas espécies arbóreas plantadas o eucalipto é a que ocupa maior área no Brasil, com mais de 5 milhões de hectares, e está disperso por quase todo o território nacional, mas principalmente em Minas Gerais, São Paulo e Mato Grosso do Sul. Por conta dessa diversidade de paisagem necessita-se utilizar variedades adaptadas a cada local, para que sejam as mais produtivas possíveis. Em relação ao eucalipto a principal limitação para o seu crescimento é a água. Assim, identificar e compreender os mecanismos responsáveis pela resistência à seca permitirá o desenvolvimento de plantas tolerantes à seca e com maior produtividade. A resposta a deficiência hídrica gera mudanças importantes nos processos fisiológicos e morfológicos das plantas, tais como redução da dimensão foliar e biomassa, além de mudanças moleculares como aumento de proteínas envolvidas nos metabolismos de nitrogênio e carboidratos e nos mecanismos de defesa como proteínas *heat shock*, ascorbato peroxidases e glutatona S-transferases. E devido a essas mudanças, a biologia molecular aparece como uma importante ferramenta na identificação de genes, proteínas e vias metabólicas, que regulam a resposta da planta ao estresse. Nesse trabalho foi usada a proteômica quantitativa *label-free* para a caracterização do proteoma foliar, caulinar e radicular de dois genótipos de eucalipto contrastantes, em resposta a restrição hídrica, a fim de identificar as diferenças de abundância proteica desses genótipos contrastantes. Também foi realizada a análise dos parâmetros fisiológicos, como fotossíntese, transpiração estomática e condutância estomática das folhas. Dentro de cada genótipo foi feito um grupo controle onde as plantas permaneceram irrigadas. A análise entre os tratamentos controle (C) e estressado (E) de cada tecido, resultou na identificação de proteínas diferencialmente abundantes, sendo, nas folhas, 122 e 74 para Suscetível (S) e Tolerante (T) respectivamente; no caule foram 161 proteínas no S e 180 no T; e na raiz foram 144 e 177 proteínas diferencialmente abundantes no S e T, respectivamente. Dentre as proteínas identificadas, há aquelas relacionadas a processos fisiológicos como fotossíntese, regulação dos estômatos e crescimento e desenvolvimento das plantas, estando em abundância nas plantas submetidas ao estresse por déficit hídrico no genótipo Tolerante. Na análise para cada tecido entre os dois genótipos (S e T), foram identificadas 184, 280 e 256 proteínas estatisticamente significativas para folha, caule e raiz, respectivamente. As plantas tolerantes apresentaram maior abundância de proteínas envolvidas na produção de energia, controle do movimento estomático e crescimento e desenvolvimento das plantas. Assim, o proteoma refletiu a expressão dos genes que influenciam, mais diretamente, a bioquímica e o funcionamento celular, revelando que ambos os tratamentos e genótipos respondem diferentemente à influência do déficit hídrico.

Palavras-chave: Eucalipto; Proteômica quantitativa *Label-free*; Déficit hídrico

ABSTRACT

Proteome characterization of leaves, stems and roots of *Eucalyptus grandis* plants under water deficit

Silviculture has been of great importance to Brazilian economy, accounting for a sector PIB with more than R\$86 billion, which corresponds to 1,3% of Brazilian PIB and 6.9% of the Industrial PIB in the country. Among several arboreal plant species planted in Brazil, eucalyptus occupies the largest area with more than 5 million hectares, and is spread throughout most of the territory, but mainly Minas Gerais, São Paulo and Mato Grosso do Sul. Due to the different landscapes it is necessary to use varieties adapted to each local, to assure the greatest yields. The main limitation for eucalyptus growth is water. Therefore discovering and understanding the mechanisms responsible for drought resistance allows the development of drought tolerant plants with higher productivity. As a response, water deficit generates important changes in morphological and physiological processes in plants, as it causes the limitation of individual leaf size as well as biomass, also there is changes in molecular processes too, like an accumulation in nitrogen and carbohydrates metabolisms and in the defense mechanisms, with heat shocks, ascorbate peroxidases and glutathione S-transferases. And these changes in the plants makes molecular biology an important tool to identify genes, proteins and metabolic pathways, which regulate the plant response to stress. To characterize the proteome of the leaves, stems and roots of eucalyptus under drought stress of two contrasting genotypes, it was used label-free quantitative proteomics, for identify the differences in protein abundance between the contrasting genotypes, and was made analyses of leaf physiological parameters. For each genotype a control group was established with plants kept irrigated. The analysis between treatments (C and E) of each tissue resulting in the identification of differentially abundant proteins, with in leaves, 122 and 74 in Susceptible (S) and Tolerant (T), respectively; in stems were 161 proteins for S and 180 proteins for T; and in roots were 144 and 177 differentially abundant proteins for S and T, respectively. Among the proteins identified, there is proteins involved in photosynthesis, stomatal regulation and plant growth and development, and were present in abundance in plants submitted to water deficit of Tolerant genotype. In the analysis for each tissue between the genotypes (S and T), 184, 280 and 256 statistical significant proteins for leaf, stem and root were quantified, respectively. And tolerant plants have a greater abundance of proteins involved in energy production, control of stomatal movement and plant growth and development. Thus, the proteome reflected the expression of genes that most directly influence biochemistry and cell function, revealing that both treatments and genotypes respond differently to the influence of water deficit.

Keywords: Eucalyptus;Quantitative label-free proteomics;Water deficit

1. Introdução

Eucalyptus é um dos mais importantes gêneros de vegetais, pertencente à família Myrtaceae, sendo usado na indústria de papel e celulose e de madeira (LEONARDI et. al., 2015). Há mais de 700 espécies desse gênero, que é originário da Austrália e Indonésia. Este é o gênero mais cultivado mundialmente por causa de sua adaptabilidade a diferentes condições climáticas e seu fácil uso em programas de melhoramento genético, além disso, proporciona um rápido retorno financeiro e uma alta produtividade com custos reduzidos (PIRES et al., 1996; MARTINS et al., 2001; VELLINI, 2007; LEONARDI et. al., 2015).

No Brasil, cerca de 1% do território nacional é destinado a plantação de florestas de eucalipto, pinus e outras espécies, sendo que só o eucalipto ocupa 5,7 milhões de hectares. Esses plantios estão distribuídos principalmente entre Minas Gerais (24%), São Paulo (17%) e Mato Grosso do Sul (16%). O setor de árvores plantadas no Brasil tem crescido tanto em receita como em participação no PIB nacional e no PIB industrial nos últimos anos. Além disso, o Brasil é o país com maior produtividade e uma das rotações mais curtas, além de ser o maior exportador de celulose (IBÁ, 2019), mostrando a importância em se estudar este gênero.

A produção de eucalipto no Brasil também é importante frente aos aspectos socioambientais, uma vez que gera empregos, conserva grandes extensões de florestas, além de possibilitar o estoque de carbono pelo fato de possuir rápido crescimento (IBÁ, 2017, 2019).

A deficiência hídrica aliada a altas ou baixas temperaturas e radiação são os principais estresses que limitam a sobrevivência e produtividade agrônômica e florestal (AREND & FROMM 2007; MARTINEZ-MEIER et al., 2008; CRAMER et al., 2011; ZADRAŽNIK et. al., 2013). Acredita-se que as condições do meio ambiente em cada estação se tornem ainda mais severas no futuro próximo por causa das mudanças climáticas globais (ESPÍRITO SANTO et al., 2014; ALFIERI et al. 2018; LAZENBY et al. 2018; ZHAO et al., 2018chin). O Painel Intergovernamental sobre Mudanças Climáticas (IPCC) de 2018 prevê aumento na frequência, duração e

gravidade das secas no futuro, sendo que algumas regiões já têm sofrido com essas mudanças. E para responder às condições adversas as plantas fazem ajustes fisiológicos e bioquímicos para evitar ou tolerar diferentes estresses (MACEDO 2012). Em resposta à deficiência hídrica, as plantas sofrem alterações fisiológicas (CAO 2017) e morfológicas (SUSILUOTO & BERNINGER 2007; CORRÊA et al., 2017), prejudicando o crescimento inicial e também os estádios vegetativos posteriores das plantas. Sendo o fechamento dos estômatos (SILIM et al., 2009; CARUSO et al., 2002; LIN 2012), a primeira reação ao déficit hídrico, pois limita a perda de água e, conseqüentemente, os danos aos tecidos. Além de ocorrer a formação de um sistema radicular mais complexo, e o aumento da razão raiz/parte aérea (VALDÉS et al., 2013; SASILUOTO & BERNINGER 2007).

Neste sentido, a biologia molecular é uma importante ferramenta, que permite a compreensão dos mecanismos básicos envolvidos na resposta ao estresse hídrico nos níveis celulares e moleculares (PRABU et al., 2011).

Entre as ferramentas da biologia molecular disponíveis para o estudo da biologia das plantas, o uso das ômicas têm crescido devido à grande geração de dados genômicos e às melhorias tecnológicas, e entre essas, é possível destacar a proteômica que se refere ao estudo do proteoma, ou seja, o conjunto de proteínas expressas pelo genoma de uma célula sob determinado ambiente. Sendo assim, o proteoma pode auxiliar na compreensão da resposta das plantas que estão sob condições estressantes, podendo ser uma aliada em programas de melhoramento vegetal (SILVA et. al., 2007), além de permitir a identificação e quantificação de proteínas associadas à resposta ao estresse, incluindo a resposta à seca (ZHANG et al., 2016; CAO et al., 2017; ZHAO et al., 2018a; RODZIEWICZ et al., 2019). Portanto neste estudo foi utilizado a proteômica, que além de identificar e quantificar proteínas, também auxilia na análise de interações e funções proteicas. Destacando-se que uma única proteína pode estar envolvida em mais de um processo e, inversamente, funções similares podem ser executadas por diferentes proteínas.

2. Objetivos

O objetivo deste trabalho foi entender como o déficit hídrico impacta cada um desses genótipos contrastantes, avaliando a resposta destes à seca. Para fazer essa avaliação identificamos proteínas diferencialmente abundantes dentro do tratamento Estressado e dentro de cada genótipo, o que permitiu comparar as diferenças existentes entre os genótipos contrastantes em relação ao déficit hídrico.

3. Revisão Bibliográfica

3.1. Eucalipto

O eucalipto é uma angiosperma diploide, pertencente à família Myrtaceae e ao gênero *Eucalyptus*. O gênero possui mais de 700 espécies originárias principalmente da Austrália, tendo também espécies da Nova Guiné, Indonésia e Filipinas (BEECH et al., 2017). Possui 11 cromossomos, 640 Mb e 4941 *scaffolds*, segundo Myburg et al., 2014, além de um alto conteúdo GC, com 57,1% (YAN et al., 2019). Por sua capacidade em se adaptar a diferentes condições climáticas e por seu fácil uso em programas de melhoramento, além de proporcionar um rápido retorno financeiro e alta produtividade com custos reduzidos, é um dos gêneros mais cultivado mundialmente (PIRES et al., 1996; MARTINS et al., 2001; VELLINI, 2007; LEONARDI et. al., 2015). Dentre as espécies conhecidas por sua capacidade de crescimento e adaptação a áreas tropicais, áridas e temperadas, há o *E. grandis* W.Hill ex Maiden, *E. globulus* Labill., *E. camaldulensis* Dehnh., *E. grandis*, *E. urophylla* S.T.Blake e *E. globulus* (POTTS, 2004).

As plantações de eucalipto ultrapassam os 20 milhões de hectares no mundo todo estando presentes em 90 países, sendo o Brasil (5,7 milhões ha), China (4,5 milhões ha) e Índia (3,9 milhões ha) os maiores produtores (IUFRO 2018), e mostrando que as florestas de eucalipto brasileiras correspondem a mais de 28% de toda a plantação mundial, produção essa responsável por alimentar outros segmentos além da produção de papel e celulose (36%), como venda da madeira em tora (29%); produção de carvão vegetal (12%); painéis de madeira e pisos laminados (6%), entre outros (IBÁ, 2019).

No Brasil, as principais espécies plantadas são o *Eucalyptus grandis* e o *Eucalyptus urophylla*, mas havendo também a utilização de *Eucalyptus saligna*, *Eucalyptus urophylla*, *Eucalyptus viminalis*, híbridos de *Eucalyptus grandis* X *Eucalyptus urophylla*, *Eucalyptus citriodora*, *Eucalyptus camaldulensis* e *Eucalyptus dunnii* (CENTRO DE INTELIGÊNCIA EM FLORESTAS 2017; EMBRAPA 2019).

E. grandis é a espécie de eucalipto mais cultivada no país, pois tem rápido crescimento, características silviculturais desejáveis, propriedades diversas da madeira, importância econômica e variabilidade genética grande (MIRANDA 2012). Sua madeira é marrom-rosada e apresenta densidade baixa sendo destinada em sua maioria para a produção de celulose e papel, painéis de fibra e aglomerado, combustível industrial, doméstico e produtos de serraria (SOARES et al., 2003). Além disso, segundo o Instituto de Pesquisas Tecnológicas (IPT 2020) sua madeira também pode ser utilizada na construção civil leve (ripas, partes secundárias de estruturas, cordões, guarnições, rodapés, forros, lambris, pontaletes, andaimes, tábuas, tacos e parquetes).

No Brasil, dos 851 milhões de hectares do território nacional, menos de 1% é destinado à plantação de florestas, o que corresponde a 7,83 milhões de hectares de florestas plantadas de eucalipto, pinus e outras espécies, sendo que só o eucalipto ocupa 5,7 milhões de hectares (IBÁ, 2019). Esses plantios estão distribuídos principalmente entre Minas Gerais (24%), São Paulo (17%) e Mato Grosso do Sul (16%). Esse setor cresceu 13,1% em 2018, com uma receita de R\$ 86,6 bilhões, e participação de 1,3% do PIB nacional e 6,9% do PIB industrial. Além disso, o Brasil é o país com maior produtividade e uma das rotações mais curtas, além de ser o maior exportador de celulose, vendendo principalmente para China (30%) e Europa (25%) (IBÁ, 2019).

Além de toda a sua importância financeira, a produção de eucalipto no Brasil apoia os aspectos socioambientais, sendo que os municípios com plantios comerciais tiveram um aumento de 56% do IDHM, composto por longevidade; renda e educação, enquanto o IDHM médio do Brasil foi de 47%. Além disso, há a conservação de 5,6 milhões de hectares, além da recuperação de áreas de degradação (IBÁ, 2019). O plantio de eucalipto também é responsável pelo estoque de 1,7 bilhão de toneladas de CO₂eq em 7,83 milhões de hectares de árvores plantadas (IBÁ, 2019). Isso ocorre porque esse gênero tem um crescimento rápido, portanto, possui um grande potencial de sequestro de carbono por biomassa. Assim, seu desenvolvimento em comunidades de florestas mistas melhoraria a função ecológica das plantações de eucalipto (DU et al., 2015; FLADUNG et al., 2015). Segundo o IBÁ 2019, além dos investimentos em programas socioambientais, 3,8 milhões de postos de trabalhos são gerados por esse segmento, um aumento de 1,1% em relação a 2017.

3.2. Déficit hídrico

Os eventos climáticos têm se tornado mais frequentes e intensos nos últimos anos, aumentando o número de desastres naturais, como tempestades, alagamentos, queimadas e seca (EM-DAT, 2020; IPCC, 2018; UNDRR, 2019). Acredita-se que as condições do meio ambiente em cada estação se tornem ainda mais severas no futuro próximo, em razão das mudanças climáticas globais (ESPÍRITO SANTO et al., 2014; ALFIERI et al. 2018; LAZENBY et al. 2018; ZHAO et al., 2018). O IPCC 2018 prevê que as secas aumentarão em frequência, duração e gravidade no futuro, sendo que algumas regiões já têm sofrido com essas mudanças. Do mesmo modo, o Atlas Brasileiro de Desastres Naturais (CEPED 2013), mostrou uma maior ocorrência de desastres naturais até 2012, com as regiões densamente povoadas sendo mais vulneráveis. Além disso, o Anuário Climático do Brasil (2019) mostra que houve aumento das temperaturas média anual, máxima anual e mínima anual quando comparadas à climatologia de 1981 a 2010. O relatório ainda mostra anomalias na ocorrência de chuva, com algumas áreas apresentando um aumento na quantidade de chuva, enquanto outras apresentaram uma diminuição, também comparando com a climatologia de 1981 a 2010, gerando inclusive desastres naturais como enchentes, deslizamento de terra e seca. Em relação aos últimos cinco anos, 2019 foi o ano com menor pluviosidade, ao mesmo tempo em que está entre os quatro anos mais quentes já registrados.

E segundo o estudo do Centre of Research on the Epidemiology of Disasters (CRED) (EM-DAT 2020), no ano de 2019 houve mais desastres naturais do que as médias anuais de 2009 a 2018, causados principalmente por alagamentos, tempestades e terremotos, mas tendo a ocorrência também de seca, ondas de calor, deslizamento de terra e incêndios florestais. Além disso, esse trabalho mostra que a seca é uma das principais causas de perdas econômicas, ficando atrás apenas de tempestades, alagamentos e terremotos, tendo gerado uma perda média anual de 2009 a 2018 de mais de 10 bilhões de dólares. E nos estados com maior produção de eucalipto, há em comum o problema com estiagem e seca (CEPED, 2013), como pode ser visto na Figura 1, assim, entender como o déficit hídrico afeta o eucalipto se torna bastante importante pensando na necessidade de aumento produtivo com um menor uso de água.

A deficiência hídrica aliada a altas ou baixas temperaturas e radiação são os principais estresses que limitam a sobrevivência e produtividade agrônômica e florestal (AREND & FROMM 2007; MARTINEZ-MEIER et al., 2008; CRAMER et al., 2011; ZADRAŽNIK et. al., 2013). Para responder às condições adversas as plantas fazem ajustes fisiológicos e bioquímicos para evitar ou tolerar diferentes estresses, dependendo da intensidade do estresse, da taxa de progressão e do grau de plasticidade específica da espécie (MACEDO, 2012). Em resposta à deficiência hídrica, as plantas sofrem alterações importantes em seus processos fisiológicos (CAO 2017) e processos morfológicos (SUSILUOTO & BERNINGER 2007; CORRÊA et al., 2017), havendo restrição ao acúmulo de biomassa (SILVA, 1998; CORRÊA et al., 2017). A primeira reação ao déficit hídrico é o fechamento dos estômatos (SILIM et al., 2009; CARUSO et al., 2002, TAUSZ et al., 2008; MOKOTEDI 2010; LIN 2012; OTTO et al., 2017), isso limitará a perda de água e, conseqüentemente, os danos aos tecidos. No entanto, a restrição ao acúmulo de biomassa prejudica o crescimento inicial e também os estágios posteriores das plantas, pois limita o tamanho das folhas individuais, o número de folhas, o número e a taxa de crescimento de galhos e caules (OSÓRIO et al., 1998).

Outras adaptações em *Eucalyptus* são a redução da área foliar (GUARNASCHELLI et al., 2003; MOKOTEDI 2010; MASEDA & FERNÁNDEZ, 2016), diminuindo a perda de água por transpiração; ativação de mecanismos antioxidantes (BIAN & JIANG 2009; CAO 2017), uma vez que um estresse prolongado de seca pode levar a um aumento das espécies reativas de oxigênio (ROS) e, conseqüentemente, ao estresse oxidativo; ajuste osmótico (CALLISTER et al., 2008; WARREN et al., 2012; OECD 2016; SILVA et al., 2016), mantendo assim o turgor das células; queda parcial de folhas e um sistema radicular mais complexo; enraizamento profundo, aumento da razão raiz/parte aérea, diminuição da massa de raízes finas e grossas; percepção e sinalização do déficit hídrico ao demais órgãos, além de regular a ativação da biossíntese de ácido abscísico (ABA) nas folhas devido a perda de turgor nas raízes (VALDÉS et al., 2013; WHITEHEAD & BEADLE, 2004; SUSILUOTO & BERNINGER, 2007; TAKAHASHI et al., 2018; CHRISTMANN & GRILL 2018). Além disso, Hodecker et al., 2018, foram capazes de diferenciar plantas de eucalipto tolerantes e suscetíveis à seca por meio da concentração isotópica de ^{13}C , sendo que as plantas sensíveis à seca apresentaram valores mais negativos do isótopo ^{13}C na

região com maior pluviosidade, quando comparadas com a região com menor pluviosidade, sendo que o uso eficiente da água (WUE) é maior em plantas com valores menos negativos de ^{13}C (PALLARDY & KOZLOWSKI 2008), mostrando que a prévia exposição ao déficit hídrico pode aumentar a proteção das plantas em um futuro cenário de déficit hídrico. Já em *populus* e *pêssego*, foi visto que o estresse hídrico causou o fechamento estomático, a redução do potencial hídrico foliar, queda de folhas e inibição geral de crescimento (DURAND et al., 2011); e raízes enrugadas e amarronzadas, queda no conteúdo de água no solo e nas raízes e acúmulo de prolina, MDA (malondialdeído) e peróxido de hidrogênio (H_2O_2) (CAO et al., 2017).

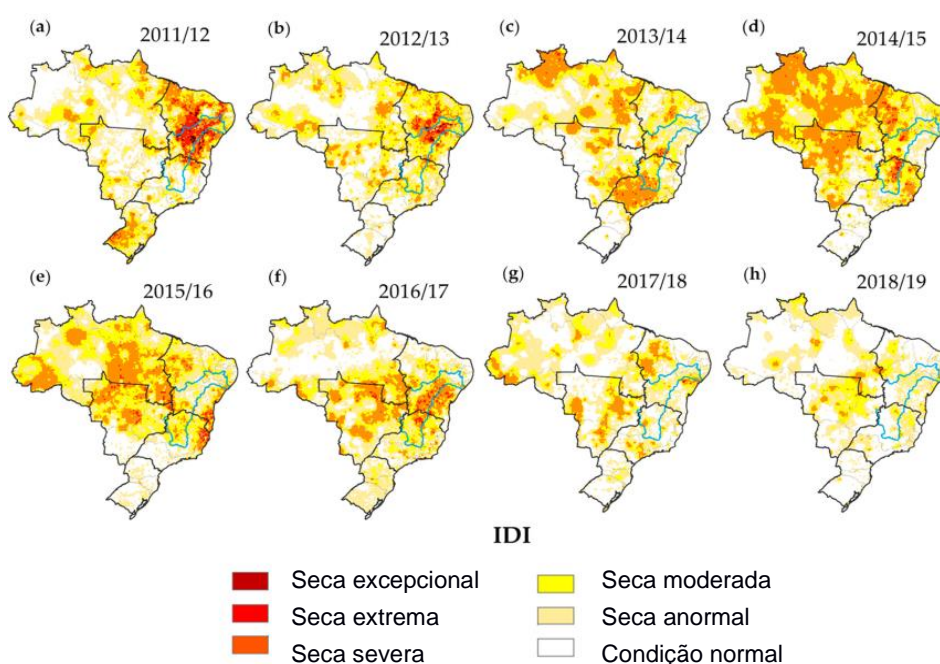


Figura 1: Índice de seca integrado (IDI) calculado de 2011 a 2019 no Brasil. Modificado de Cunha et al., 2019.

3.3. Proteômica

A biologia molecular é uma importante ferramenta na identificação de genes, proteínas e vias metabólicas que regulam a resposta da planta ao estresse, permitindo a compreensão dos mecanismos básicos envolvidos na resposta ao estresse hídrico nos níveis celulares e genéticos (PRABU et al., 2011). Dentro desta, a proteômica refere-se ao estudo do proteoma, ou seja, do conjunto de proteínas expressas pelo genoma de uma célula sob determinado ambiente. Sendo assim, o proteoma reflete a expressão das moléculas que influenciam diretamente a bioquímica e o

funcionamento celular, auxiliando na compreensão da resposta de plantas que estão sob condições de estresses bióticos e abióticos, podendo ser uma aliada em programas de melhoramento vegetal (SILVA et al., 2007), além de permitir a identificação e quantificação de proteínas associadas a tolerância ao estresse (ZHANG et al., 2016; CAO et al., 2017; ZHAO et al., 2018).

Os primeiros estudos relacionados à proteômica surgiram na década de 1970, com o mapeamento de proteínas de alguns organismos e construção dos primeiros bancos de dados (O'FARREL 1975; KLOSE 1975; SCHEELE 1975), e estava associada à identificação de um grande número de proteínas de uma célula ou organismo, por meio da focalização isoelétrica e géis bidimensionais (MEIRELES 2007). No entanto, o termo "proteoma" surgiu em 1994, para designar o conjunto de proteínas expressas pelo genoma de uma célula, em um determinado ambiente (WILKINS et al., 1995; ANDERSON & ANDERSON 1996).

Devido a processos durante a expressão gênica, como o splicing alternativo, uma mesma sequência de DNA pode resultar em diferentes RNA mensageiros (mRNA), formando, portanto, diferentes proteínas. Em adição, as proteínas sofrem modificações pós traducionais como fosforilações, ubiquitinações e glicosilações, que irão determinar onde e como essas proteínas atuarão dentro do organismo. Por isso, a necessidade de identificar e mensurar diretamente as proteínas.

Além da eletroforese e cromatografia, há também o uso, em proteômica, da espectrometria de massas, que converte moléculas em íons em fase gasosa que serão separados de acordo com sua razão massa/carga (m/z) (WILSON & WALKER 2010). Os espectrômetros de massas possuem um sistema de entrada de amostras, uma fonte de ionização, um analisador de massas e um detector, sendo que esses dois últimos compartimentos estão em um sistema de alto vácuo (Figura 2).

Dentre os tipos de fontes de ionização usadas na análise de proteômica, destacam-se duas, a ionização por Eletrospray (ESI) e a ionização a laser assistida por matriz (MALDI). Há também diversos tipos de analisadores de massas como o tempo de voo (TOF), orbitrap, híbridos quadrupolo-TOF, entre outros.

A proteômica quantitativa baseada em espectrometria de massas tem contribuído para o entendimento de processos biológicos fundamentais (AEBERSOLD & MANN 2003). A partir dessa técnica é possível quantificar as diferenças existentes entre dois ou mais estádios fisiológicos de um determinado

sistema biológico ou entre dois ou mais genótipos de uma mesma espécie (BUDZINSKI et al., 2013).

Dentre as técnicas de proteômica quantitativa, as mais utilizadas são: a quantificação com marcação isotópica de proteínas e peptídeos e a quantificação label-free (livre de marcação), em que é possível fazer a quantificação absoluta sem a necessidade de usar padrões de referência marcados com isótopos estáveis (BUDZINSKI et al., 2013). Esta técnica de identificação e quantificação sem a necessidade de marcação isotópica tem crescido bastante (NAHNSEN et al., 2013; DISTLER et al., 2016), e baseia-se em dois métodos: os que utilizam a intensidade do sinal de MS (espectro completo – full scan) do peptídeo intacto para a quantificação direta da proteína equivalente (TIMM et al., 2008), e os que inferem na quantificação, de forma indireta, baseados na contagem dos espectros obtidos para cada proteína (ZHANG et al., 2006). Os métodos que usam a intensidade do sinal de MS são mais comumente utilizados para o caso de quantificação absoluta (SCHWANHÄUSSER et al., 2011). O High3 ou Top3 é um método alternativo de quantificação (SILVA et al., 2006). Nesse caso, considera-se o sinal dos três peptídeos mais intensos de uma proteína, assumindo-se que a intensidade do sinal de MS desses peptídeos seja aproximadamente a mesma.

Os estresses abióticos limitam bastante o crescimento e desenvolvimento de plantas. E uma das estratégias para as plantas reagirem ao estresse é por meio da aclimatação (LEVITT, 1980; LARCHER, 2003; SPIEß et al., 2012). A aclimatação ao estresse é mediada via mudanças profundas na expressão gênica, o que resulta em mudanças na composição do transcrito, proteoma e metaboloma da planta (KOSOVÁ et al., 2011). Gygi et al., 1999 e Bogeat-Triboulot et al., 2007 mostram que as mudanças que ocorrem a nível de expressão gênica ou no transcrito nem sempre correspondem às mudanças a nível de proteína, já que nem todo gene codifica proteínas, como por exemplo, a porção do DNA que transcreve moléculas de RNA funcionais como o RNA mensageiro, o RNA transportador e o RNA ribossomal. E diferente do genoma, mudanças no transcrito, proteoma e metaboloma afetam o fenótipo da planta, sendo que as proteínas correspondem diretamente às respostas das plantas ao estresse, tanto como proteínas estruturais como também proteínas

envolvidas na regulação do epigenoma, do transcritoma e do metaboloma das plantas (KOSOVÁ et al., 2018).

Kosová et al., 2011 mostra que a resposta das plantas ao estresse é um processo dinâmico onde diversos estágios podem ser estabelecidos, como é visto na Figura 3, e cada um desses estágios pode ser caracterizado por sua composição proteômica única. O estágio de estresse possui quatro fases: a fase de alarme que é quando o estresse causa um choque em uma planta não aclimatada, diminuindo o nível de tolerância da planta ao estresse, e está associada tanto à indução de vias de sinalização que são responsivas ao estresse, como também a um estresse oxidativo forte. A fase de aclimação que dura vários dias e estabelece uma nova homeostase no metabolismo da planta sob estresse, isto é, há um aumento da tolerância ao estresse da planta, está associada com a biossíntese de novo de proteínas que têm como função proteger a planta do estresse, como chaperonas; proteínas que retiram as espécies reativas de oxigênio (ROS); proteínas COR/LEA (Cold regulation/Late Embriogenesis Abundant) envolvidas na termotolerância e na tolerância ao dessecamento, respectivamente; e com a presença de compostos antioxidantes como carotenoides e de prolina. A fase de manutenção é quando uma homeostase recém-estabelecida é mantida sob condições de estresse, isso significa que o nível de tolerância ao estresse da planta permanece estável. E há a fase de exaustão, que ocorre quando a planta não consegue manter uma homeostase induzida por estresse pelo fato de o estresse durar muito tempo. Quando há o fim do estresse da planta, começa a fase de recuperação, em que ocorre o restabelecimento da homeostase celular em condições sem estresse e os compostos de proteção são degradados.

Em *Eucalyptus*, foi visto que que nas plantas tolerantes sob estresse hídrico a quantidade de ácido abscísico (ABA) foi maior tanto nas folhas quanto nas raízes, proteínas envolvidas na resposta ao déficit hídrico, e relacionadas à modificação da parede celular, detoxificação celular e osmorregulação (VALDÉS et al., 2013; BEDON et al., 2012). Para *populus* e outras espécies vegetais foi observada a redução na quantidade de proteínas relacionadas à fotossíntese, como 4 ribulose-1,5-bisphosphat-carboxylase/-oxygenase (rubisco), no metabolismo de carboidratos (fructose21 bisphosphate aldolase e glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase) e no metabolismo de proteínas (O-acetylserine (thiol)lyase) em folhas; mudanças induzidas pela seca no acúmulo de proteínas envolvidas na fotossíntese, em

mecanismos de defesa, no metabolismo de carbono e de nitrogênio e no metabolismo secundário em folhas e raízes, sendo que as folhas apresentaram, significativamente, mais proteínas envolvidas em mecanismos de defesa nas folhas, incluindo proteínas heat shock, ascorbate peroxidases, superoxide dismutases, glutathione S-transferases, entre outras proteínas envolvidas com as espécies reativas de oxigênio (ROS); além da presença das proteínas Cytochrome, RuBisCO, superoxide dismutase, phosphoenolpyruvate carboxylase, entre outras, em folhas e caules (DURAND et al., 2011; RODZIEWICZ et al., 2019; SHI et al., 2014).

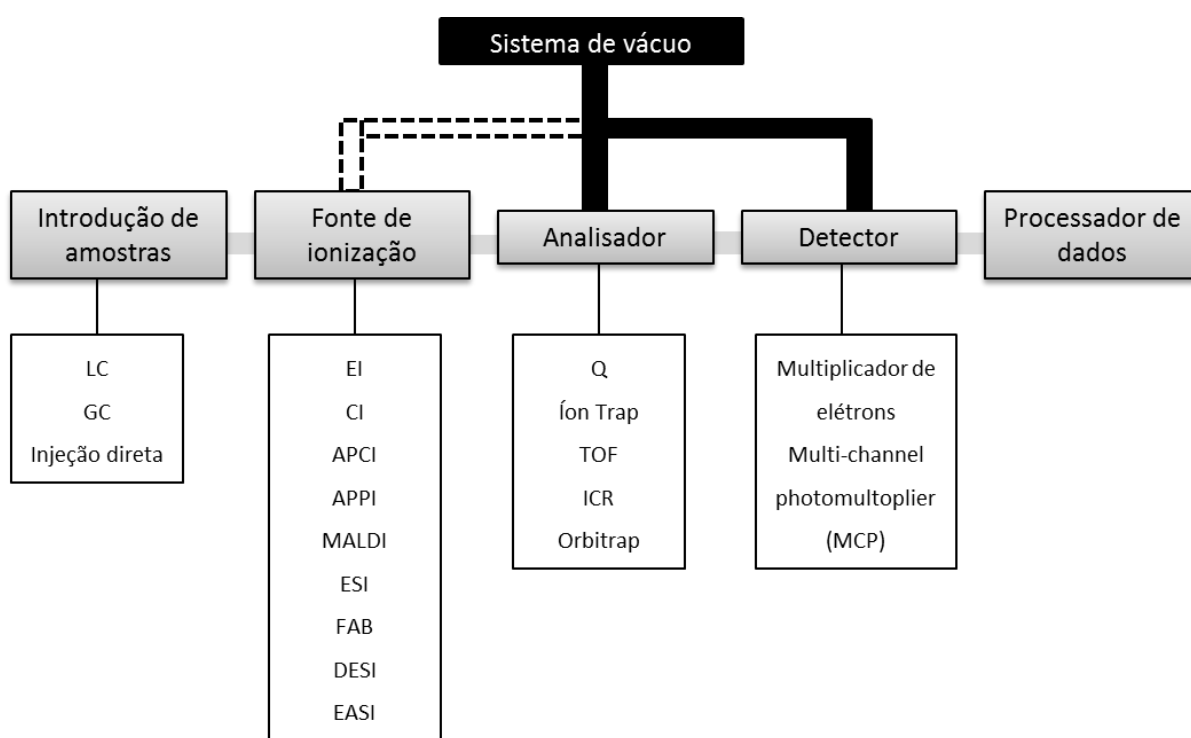


Figura 2. Esquema cromatografia acoplada ao espectrômetro de massas. LC: cromatografia líquida, GC: cromatografia gasosa, EI: ionização por impacto de elétrons, CI: ionização química, APCI: ionização química a pressão atmosférica, APPI: ionização química por fotoionização, MALDI: Dessorção-Ionização a Laser Assistida por Matriz, ESI: eletrospray, FAB: bombardeamento de átomos acelerados, DESI: eletrospray por dessorção, EASI: ionização ambiente por spray sônico, Q: quadrupolo, TOF: por tempo de voo, ICR: ressonância ciclotrônica de íons (Regiane et al., 2014).

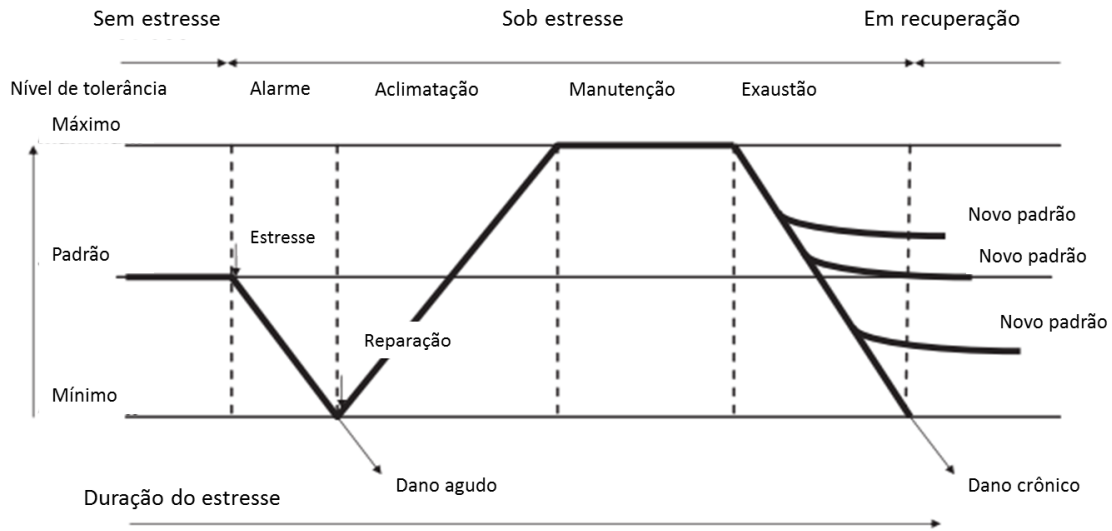


Figura 3. Esquema da dinâmica de resposta de plantas a estresses abióticos. Cada estágio de resposta ao estresse da planta corresponde a uma composição proteômica diferente. (Adaptado de: Kosová et al., 2011).

4. Material e Métodos

4.1. Área de estudo e amostras

O estudo foi conduzido em casa de vegetação, no Departamento de Genética da Escola de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, no município de Piracicaba, SP (Latitude: -22.7150568; Longitude: -47.6293448). Diversos genótipos de plantas de *Eucalyptus grandis* Putiri foram fornecidas pela empresa Suzano Papel e Celulose. Para a seleção e caracterização feitas por Ferreira 2013, quinze genótipos de plantas jovens (6 meses) foram mantidas em vasos de 3L contendo substrato Baseplant farelado grosso e vermiculita textura média, e dispostas em delineamento experimental em blocos ao acaso, no esquema fatorial 15 x 2 (genótipos x condições de irrigação), com três repetições, conforme o croqui apresentado na Figura 4. Dentro de cada genótipo foi feito um grupo controle, onde as plantas permaneceram irrigadas, e um grupo tratamento, em que as plantas foram submetidas ao déficit hídrico, sendo irrigadas apenas com 30 mL de água por um período de cinco dias. Desses 15 genótipos, dois foram selecionados como sendo os mais contrastantes entre si, em relação ao murchamento das folhas, sendo considerados Tolerante (T) e Susceível (S) ao déficit hídrico, e que serão tratados nesse trabalho como Controle Tolerante (CT) e Controle Suscetível (CS), e Estressado Tolerante (ET) e Estressado Suscetível (ES).

4.2. Medidas de trocas gasosas

Após selecionar os genótipos, Ferreira 2013 caracterizou essas plantas em relação às medidas de trocas gasosas. Dessa forma, a taxa fotossintética, condutância estomática e taxa de transpiração foram avaliadas em folhas do terço médio das plantas de ambos os genótipos, nas duas condições hídricas por meio de um analisador de gás infravermelho (Licor, LI-6400). Para este trabalho foi utilizado apenas o valor de $1000 \mu\text{mol}\cdot\text{m}^{-2}\cdot\text{s}^{-1}$ de radiação fotossinteticamente ativa (PAR). As medições foram realizadas no período da manhã, entre 9h e 11h, em casa de vegetação e em condições de céu aberto. A referência de CO_2 foi estabelecida a $400 \mu\text{mol}\cdot\text{mol}^{-1}$ e a referência de água, entre 18 e 20 $\text{mmol}\cdot\text{mol}^{-1}$. O fluxo do CO_2 foi mantido em $350 \mu\text{mol}\cdot\text{s}^{-1}$. Para a análise dos dados fisiológicos foi utilizado o programa

R, em que os resultados foram analisados em delineamento inteiramente casualizado (DIC), passando pelos testes de normalidade de Shapiro-Wilk e de homogeneidade de Levene, além de ter sido feito um teste de comparação de médias pelo Teste de Tukey a 5% de significância. Após a caracterização, determinou-se a capacidade de campo (%) desses dois genótipos, a fim de saber a capacidade máxima de retenção de água no solo para cada tratamento de cada genótipo.

Para obter a capacidade de campo dessas plantas, a mistura substrato + vermiculita era coletada da superfície dos vasos, disposta em placas de Petri, pesada para obtenção da massa da mistura úmida e posteriormente acondicionada em estufa a 105°C por 24h. Após este período, as placas eram novamente pesadas para obtenção da massa da mistura seca. Desta forma, a quantidade de água presente no vaso era obtida a partir de uma regra de três simples, a qual envolvia a massa de água e a massa da mistura seca presentes na placa de Petri, bem como a massa de água e a massa da mistura seca presentes no vaso.

4.3. Coleta de material vegetal

Amostras de folha, caule e raiz foram coletadas de ambos os genótipos contrastantes, os quais apresentavam plantas bem irrigadas (Controle) e àquelas submetidas ao déficit hídrico (Estressado). Para o caule, a casca foi removida e descartada. Os tecidos foram armazenados a -80°C até o momento da extração de proteínas. No total foram coletadas doze amostras biológicas de cada tecido, sendo seis para cada genótipo. Dessas seis amostras, três são controle e três são tratamento.

4.4. Extração das proteínas

As proteínas dos três tecidos foram extraídas conforme o protocolo de Hurkman & Tanaka (1986). Após maceração (2g de tecido foliar) em almofariz com nitrogênio líquido, adicionaram-se 15 mL de tampão de extração gelado constituído de 0,7 M sacarose; 0,5 M Tris-HCl pH 7,5; 0,1 M KCl; 50 mM EDTA; 1 mM PMSF; 1% m/v PVPP e 2% β -mercaptoetanol. Após homogeneização das amostras em agitador por 30 min, com os tubos mantidos no gelo, adicionaram-se 15 mL de fenol saturado em Tris-HCl pH 7,5, seguido de nova homogeneização em agitador por 30 min e com os tubos mantidos no gelo. As amostras foram centrifugadas a 10.000 x g por 30 min a 4 °C. O

sobrenadante foi coletado e transferido para um novo tubo. Com a finalidade de eliminar impurezas da amostra foram feitas duas lavagens adicionais com tampão de extração, contendo o mesmo volume de fenol saturado em Tris-HCL, e seguindo os mesmos passos de agitação e centrifugação descritos acima. O sobrenadante foi coletado e dividido em dois tubos, nos quais foram adicionados 30 mL de 0,1 M acetato de amônio preparado em metanol 100% (- 20°C). Os tubos foram mantidos a -20°C para precipitação *overnight* das proteínas. Após a precipitação, o material foi centrifugado a 16.000xg por 20 min a 4 °C. O precipitado recuperado foi lavado 2 vezes com acetato de amônio (0,1 M) em metanol, seguido de mais uma lavagem com metanol (100%) e outra com acetona (100%). Entre cada lavagem, o material permaneceu por no mínimo 1h a -20 °C e em seguida foi centrifugado a 16.000xg por 30 min a 4 °C, e o sobrenadante foi descartado.

Posteriormente, os pellets foram secos mantendo-se os tubos abertos inseridos em potes fechados preenchidos com sílica, os quais foram mantidos *overnight* em câmara fria a 4 °C.

As proteínas foram ressuspensas em tampão de solubilização constituído de 7 M ureia, 2 M tiourea, 10 mM dithiothreitol e 0,01% de detergente zwitteriônico C7BzO, e dessalinizadas em bicarbonato de amônio 50 mM pH 8,5 por meio de filtros Amicon Ultra 0,5ml 3K -500Pk (Millipore®).

Após a ressuspensão, as proteínas foram quantificadas conforme o método de Bradford (BRADFORD, 1976) utilizando-se o kit comercial *Protein Assay* (BioRad, catálogo 500-0006). Para o estabelecimento da curva padrão, foram obtidas as absorbâncias de diferentes concentrações de albumina sérica bovina (BSA), em espectrofotômetro (U-3300 - Hitachi©), a 595 nm. Em seguida, foram preparadas triplicatas contendo 5 µL do extrato proteico, 800 µL de reagente de Bradford diluído em água milliQ (1:4) e 1 mL de água milliQ. Os volumes foram transferidos para cubetas de vidro, seguindo-se de leitura das absorbâncias (595 nm). A concentração das proteínas totais, foi obtida mediante uma curva-padrão.

4.5. Digestão tríptica e purificação das amostras

Alíquotas das amostras contendo 50 µg de proteína foram submetidas à digestão tríptica conforme o protocolo de Budzinski et al. (2019). Após adição de 25

μL da solução RapiGest SF (0,2%), as amostras foram mantidas a 80 °C por 15 min. Após centrifugação (pulso), adicionaram-se 2,5 μL de 100 mM de ditioneitol (DTT), para a redução das pontes de dissulfeto. Após agitação em vórtex, as amostras foram mantidas a 60°C por 30 min e novamente centrifugadas (pulso) após o resfriamento à temperatura ambiente. Em seguida, adicionaram-se 2,5 μL de 300 mM de iodoacetamida (IAA) para a alquilação de cisteínas. Após agitação em vórtex, as amostras foram transferidas para o escuro por 30 min, à temperatura ambiente. Posteriormente, adicionaram-se 10 μL de solução de tripsina (Promega) em 50 mM de bicarbonato de amônio. Após agitação em vórtex, procedeu-se a digestão overnight a 37°C. A proporção enzima:proteína foi de 1:100. O tempo de digestão foi padronizado em 14h. Após a digestão, adicionaram-se 10 μL de 5% (v/v) ácido trifluoroacético (TFA) para hidrolisar o RapiGest SF. Após agitação em vórtex, as amostras foram incubadas a 37°C por 90 min. Em seguida, estas foram centrifugadas a 18.000 x g por 30 min a 6°C, secas em concentrador à vácuo e armazenadas a -80°C.

4.6. LC-MS^E

Os peptídeos foram sequenciados no espectrômetro de massas Synapt G2 HDMS (Waters, Manchester, UK), acoplado ao sistema Nano UPLC, com tecnologia 2D (Waters, Manchester, UK). A separação foi realizada com uma coluna de primeira dimensão Acquity UPLC M-Class peptide BEH C18 (5 μm , 300 μm x 50 mm) (Waters, Manchester, UK) e uma coluna analítica Acquity UPLC M-Class peptide CSH C18 (1.7 μm , 75 μm x 150 mm) (Waters, Manchester, UK). As fases móveis da primeira dimensão foram: solução de formiato de amônio 20 mM pH 10 e acetonitrila. Já na segunda dimensão os dois eluentes foram: A (100% água contendo 0,1% de ácido fórmico) e B (100% acetonitrila contendo 0,1% de ácido fórmico). Essa técnica combina a separação das proteínas usando-se um pH 10 na separação da primeira dimensão, e um pH 12 na segunda dimensão, com auxílio de colunas de fase reversa (GILAR et al., 2005). A eluição foi realizada com cinco gradientes binários diferentes de 20 mM de formiato de amônio pH 10 e acetonitrila, a um fluxo de 2 $\mu\text{L}\cdot\text{min}^{-1}$. A proporção de acetonitrila da primeira fração até a quinta variou de 11,4 a 50%. Os peptídeos eluídos da coluna da primeira dimensão foram diluídos em linha com 0,1% de ácido fórmico em acetonitrila a um fluxo de 20 $\mu\text{L}\cdot\text{min}^{-1}$ e capturados por uma

coluna Trap 2D Symmetry. A separação na segunda dimensão foi realizada com um gradiente binário de 7 a 85% de acetonitrila, em 0,1% (v:v) de ácido fórmico durante 75 minutos, a um fluxo de 500 nL.min⁻¹.

A aquisição dos dados foi realizada em um espectrômetro de massas do tipo quadrupolo tempo de voo (Q-TOF) Synapt G2 MS, equipado com uma fonte *nanolockspray* operando no modo positivo (Waters, Manchester, UK), com *ion mobility*. Para todas as análises, o espectrômetro de massas operou no modo "V", com a cela de *ion mobility* ativada. O espectrômetro de massas foi calibrado com (Glu1) fibrinopeptídeo B (GFP) humana 1 pmol. µL⁻¹ e a mesma solução foi empregada para o *lock mass* utilizando-se o íon de dupla carga com uma amostragem a cada 30 segundos. Os experimentos foram realizados no modo HDMS^E (análise independente de dados) que consiste na aquisição alternada, entre espectros obtidos à baixa (3 eV) e alta (15-50 eV) energia de colisão, aplicadas ao módulo *trap* do *T-wave CID*, em presença de gás argônio, que produz íons precursores e produtos em sequência. O tempo de varredura foi de 0,8 segundos em cada modo, no intervalo de *m/z* entre 50 e 2000.

4.7. Análise de Dados

O processamento dos espectros e a busca em banco de dados disponíveis foram realizados com o auxílio do ProteinLynx Global Server v.3.0.2 (PLGS). A versão do banco utilizada foi o *Eucalyptus grandis* v2.0 (<https://genome.jgi.doe.gov/pages/dynamicOrganismDownload.jsf?organism=Phytozome>), depositado no *Phytozome* v.12, com 46280 entradas, e acessado em novembro de 2019. O banco de dados reverso foi anexado ao banco de dados original para avaliação de falsos positivos. Nessas análises, os parâmetros de processamento utilizados foram: tolerância automática para precursores e íons-produto; mínimo de íons fragmentos consecutivos (*y*⁺, *b*⁺) por peptídeo igual a 3; mínimo de fragmentos consecutivos por proteína igual a 7; mínimos de peptídeos (identificados pelos critérios anteriores), por proteína, igual a 2; apenas uma clivagem perdida foi permitida; carbamidometilação de cisteína como modificação fixa e oxidação de metionina como modificação variável; taxa máxima de descoberta de falso positivos (FDR) a 1%.

Para a identificação e quantificação proteica, as intensidades dos espectros obtidos foram calculadas por método estequiométrico, em detrimento ao padrão interno de concentração conhecida conforme a linearidade do método, por análise de MS^E e normalizado pela função de “auto normalização” do *software* ProteinLynx Global Server v.3.0.2. Somente as proteínas identificadas em ao menos duas das três réplicas biológicas foram consideradas para as análises posteriores.

4.8. Análise Estatísticas

Foram realizadas duas abordagens estatísticas, utilizando análises univariadas e multivariadas, para cada tecido usando o programa *online MetaboAnalyst* (CHONG et al., 2019). A análise univariada consistiu em um teste t a 5% de significância, a fim de obter as proteínas estatisticamente significativas em cada uma das análises para posterior utilização na categorização funcional pelo programa *online AgriGO* (TIAN et al., 2017) e também para a construção das redes proteína-proteína. A primeira análise foi feita de forma separada para cada genótipo, e consistiu em verificar diferenças nos perfis proteicos dos tratamentos (Controle e Estressado) dentro de cada genótipo (Suscetível e Tolerante). A segunda análise foi feita de forma conjunta e apenas com as proteínas estatisticamente significativas obtidas na primeira análise, onde se buscou analisar as diferenças entre o perfil proteico de cada genótipo, sem levar em consideração os diferentes tratamentos. Para isso, para cada um dos genótipos, as proteínas com abundância diferencial do Estressado e do Controle foram colocadas em uma mesma planilha, e foi obtida a razão proteica Estressado/Controle para a repetição biológica 1, 2 e 3. As proteínas com valores não encontrados (NA) foram substituídas pelo menor valor de concentração de todo o genótipo dividido por dois. Em ambas as análises foi realizada transformação logarítmica (log₂) e escalonamento por Pareto, que utiliza a raiz quadrada do desvio padrão como fator de escalonamento (VAN DEN BERG et al., 2006). Para ambas as análises feitas no programa *online Metaboanalyst*, para uma melhor diferenciação dos tratamentos na formação de grupos, foram realizadas análises multivariadas de Discriminação por Mínimos Quadrados Parciais (partial least squares discrimination – PLS-DA), uma análise supervisionada baseada em técnicas de regressão, a fim de separar os grupos (Controle e Estressado, e Suscetível e Tolerante) do conjunto de dados, obtendo assim, uma separação de grupos e quais variáveis são responsáveis por essa

separação (METABOANALYST ANALYSIS REPORT, 2020; ZONTOV et al., 2020). Dentro da análise de PLS-DA há a medida de importância da variável, a Importância da Variável em Projeção (VIP), que é uma soma ponderada dos mínimos quadrados parciais (PLS), em que os scores são calculados para cada uma das componentes. A medida de VIP ranqueia as proteínas baseada na contribuição de cada uma à variação total das amostras (KHOZA et al. 2019). Para esse trabalho foram considerados os primeiros 25 VIPs como os mais influentes. E para a validação do PLS-DA, foram considerados os principais parâmetros, como a Acurácia, R2 e Q2 .

4.9. Anotação e Categorização Funcional

Para a etapa de anotação e categorização funcional foi utilizado o arquivo de anotação do genoma de *E. grandis* do *Phytozome* (<https://phytozome.jgi.doe.gov/pz/portal.html>). A descrição geral das funções das proteínas foi baseada no processo biológico do *Gene Ontology* (GO). O enriquecimento das categorias GO e identificação dos termos GO mais representativos foi realizado pelo programa *online* AgriGO (TIAN et al., 2017), por meio da análise de enriquecimento singular (SEA), utilizando os parâmetros padrão do programa, com o método de análise estatística de Fischer ajustado por FDR, a um nível de significância de 5%, e com um número mínimo de entradas de mapeamento de 5.

Em paralelo, foram construídas com as proteínas estatisticamente significativas segundo o teste t (p -valor < 0,05), para a análise entre tratamentos (Controle e Estressado), as redes de interação proteína-proteína utilizando o *software* String (versão 11.0), em que as interações incluem associações diretas (físicas) e indiretas (funcionais). Além disso, ele pode ser usado em interface *front-end*, não havendo a necessidade, portanto, de ter esse *software* no computador (SZKLARCZYK et al., 2016).

5. Resultados

5.1. Medidas de Trocas Gasosas

Os genótipos Suscetível e Tolerante diferiram visivelmente em relação à área foliar, sendo esta menor no genótipo Tolerante e maior no genótipo Suscetível, tanto no Controle como no Estressado, e como consequência houve diferenças na absorção de água dessas plantas, o que pode ser visto pela porcentagem de capacidade de campo na Tabela 1. Enquanto que a Figura 5 ilustra o perfil das repetições biológicas em ambas as condições hídricas dos genótipos selecionados.

Tabela 1: Porcentagem de capacidade de campo de genótipos de *E. grandis* contrastantes quanto ao déficit hídrico.

Genótipo	Capacidade de campo (%)
CT	100
ET	16,43
CS	88,23
ES	11,44

CT: Controle Tolerante; ET: Estressado Tolerante; CS: Controle Suscetível; ES: Estressado Suscetível. Médias de três repetições biológicas.

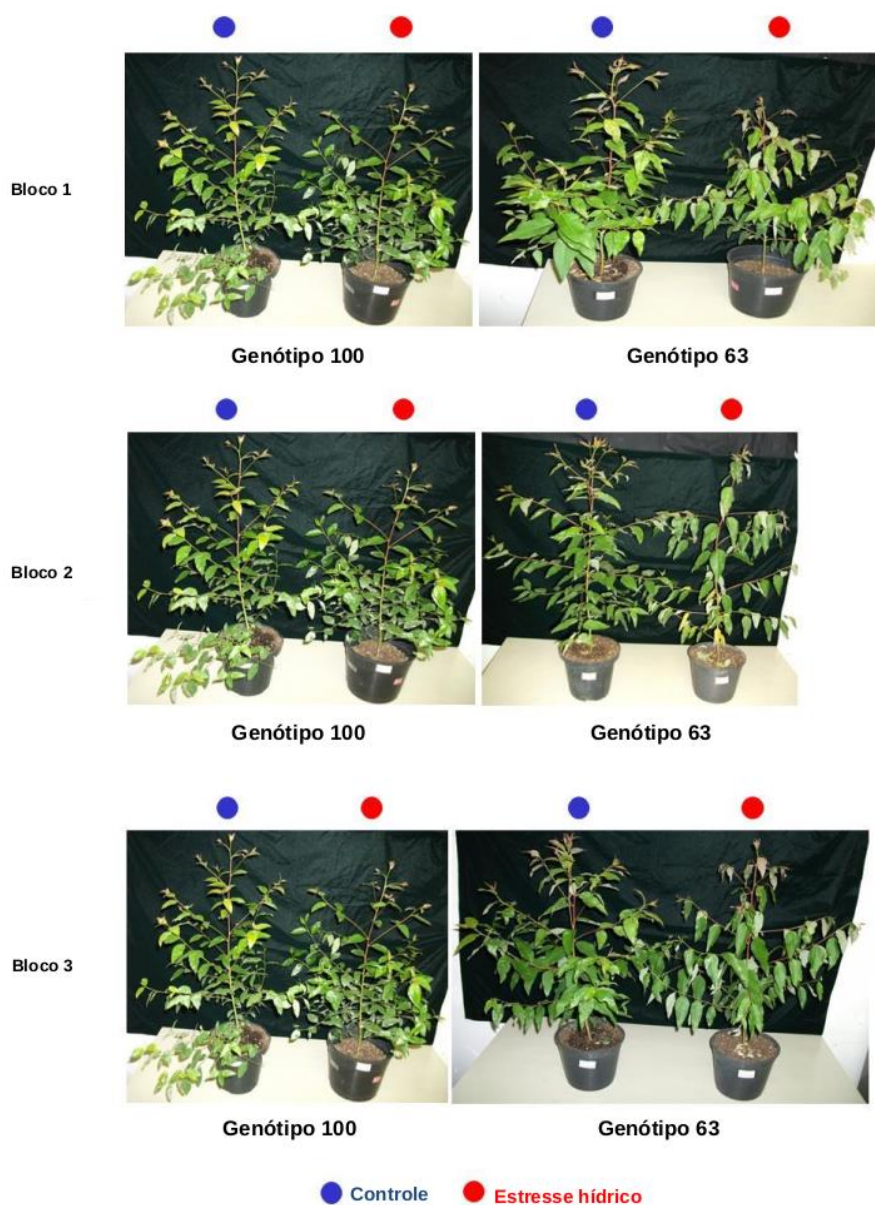


Figura 5: Genótipos contrastantes quanto ao estresse por déficit hídrico. Genótipo 100: Tolerante. Genótipo 63: Suscetível.

Em relação às medidas de trocas gasosas, os genótipos Suscetível e Tolerante foram caracterizados quanto à taxa fotossintética, condutância estomática e taxa de transpiração por meio do analisador de gás infravermelho (*infrared gas analyzer* - IRGA) (Licor, LI-6400). Para o presente trabalho apenas o valor de $1000 \mu\text{mol m}^{-2} \cdot \text{s}^{-1}$ de radiação fotossintética ativa (PAR) foi utilizado.

A Tabela 2 apresenta os valores das medidas de trocas gasosas para todos os tratamentos, obtidos pelo Teste de Tukey ($p\text{-valor} < 0,05$). Descreve também os resultados obtidos a partir da estatística de variância realizada.

Tabela 2. Média dos valores obtidos para a razão fotossintética ($\mu\text{mol CO}_2 \text{ m}^{-2} \cdot \text{s}^{-1}$), condutância estomática ($\text{mol H}_2\text{O m}^{-2} \cdot \text{s}^{-1}$) e razão de transpiração ($\text{mmol H}_2\text{O m}^{-2} \cdot \text{s}^{-1}$) em genótipos contrastantes de *E. grandis* Putiri. CT: Controle Tolerante; ET: Estressado Tolerante; CS: Controle Suscetível; ES: Estressado Suscetível.

Amostras	Taxa Fotossintética ($\mu\text{mol CO}_2 \text{ m}^{-2} \text{ s}^{-1}$)	Teste de Tukey	Condutância Estomática ($\text{mol H}_2\text{O m}^{-2} \text{ s}^{-1}$)	Teste de Tukey	Taxa de Transpiração ($\text{mmol H}_2\text{O m}^{-2} \text{ s}^{-1}$)	Teste de Tukey2
CT	16,99	a	0,485	a	5,427	a
ET	6,71	b	0,045	c	1,168	bc
CS	9,88	b	0,324	b	4,873	ab
ES	0,54	c	0,011	c	0,291	c

Para a fotossíntese, os genótipos ET e CS não apresentaram diferença estatística entre si. O genótipo CT apresentou valor superior aos demais tratamentos, enquanto o genótipo ES apresentou o menor valor. Isso revela que em ambos os genótipos as menores taxas fotossintéticas ocorreram entre os tratamentos sob estresse hídrico (ES e ET). Em relação à condutância estomática, os genótipos ES e ET não diferiram estatisticamente entre si e, ainda, apresentaram os menores valores quando comparados a todos os tratamentos, indicando assim que em plantas sob estresse hídrico esteja ocorrendo fechamento estomático.

Para a taxa de transpiração, houve diferença estatística entre os tratamentos de um mesmo genótipo, mas não houve diferença entre os genótipos em uma mesma condição hídrica. De acordo com a Tabela 2, ambos os genótipos tenderam a apresentar maiores taxas de transpiração nas plantas bem irrigadas (CS e CT).

5.2. Proteoma Foliar

5.2.1. Análise entre tratamentos (Controle e Estressado)

A análise estatística para os dois genótipos (Suscetível e Tolerante) foi feita de maneira separada por meio do programa *online* Metaboanalyst. Foram obtidas pelo sequenciamento dos peptídeos no espectrômetro de massas 1167 e 994 proteínas totais para os genótipos Suscetível e Tolerante, respectivamente. Pela análise multivariada PLS-DA (Figuras 6A e 7A) foi possível observar a separação entre os dois tratamentos (Controle e Estressado) nos dois grupos de estudo. A soma dos dois primeiros componentes principais da PLS-DA explica 59,9% e 54,7% da variância dos dados do modelo para o genótipo Suscetível e Tolerante, respectivamente.

As Figuras 6B e 7B mostram os 25 VIPs para os genótipos Suscetível e Tolerante, respectivamente. Para o genótipo Suscetível, entre as proteínas mais abundantes no tratamento Estressado, há a Alcool dehydrogenase class-P (Eucgr.H04952.1), envolvida na resistência a estresses bióticos e abióticos, proteína ribossomal, como a 50S ribosomal protein L6 (Eucgr.A01711.1), proteínas *heat shock* como a Heat shock 70 kDa protein 10 (Eucgr.G01045.1) e a 18.1 kDa class I heat shock protein (Eucgr.L02232.2), proteína de biossíntese de lignana e proteínas envolvidas no metabolismo energético da planta, como a Phenylcoumaran benzylic ether reductase 1 (Eucgr.L01334.1), a Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase GAPC2 (Eucgr.J02292.1) e ATP synthase subunit beta (Eucgr.F02916.1), respectivamente, entre outras (Tabela 3). A Tabela 3 apresenta os valores de *Fold Change* (FC) para esses 25 principais VIPs, mostrando as abundâncias diferenciais de cada proteína em cada tratamento.

Dentre os 25 VIPs para o genótipo Tolerante, vemos na Tabela 4, que há mais proteínas abundantes no Controle do que no Estressado, além de apresentar os valores de FC para esses VIPs. Entre essas proteínas, as *heat shock*, Heat shock 70 kDa protein 7 (Eucgr.G00235.1) e Heat shock 70 kDa protein 5 (Eucgr.J03127.1); a Peptide methionine sulfoxide reductase B2 (Eucgr.G01099.1) e a Metacaspase-4 (Eucgr.F04472.1) estão abundantes nas plantas estressadas.

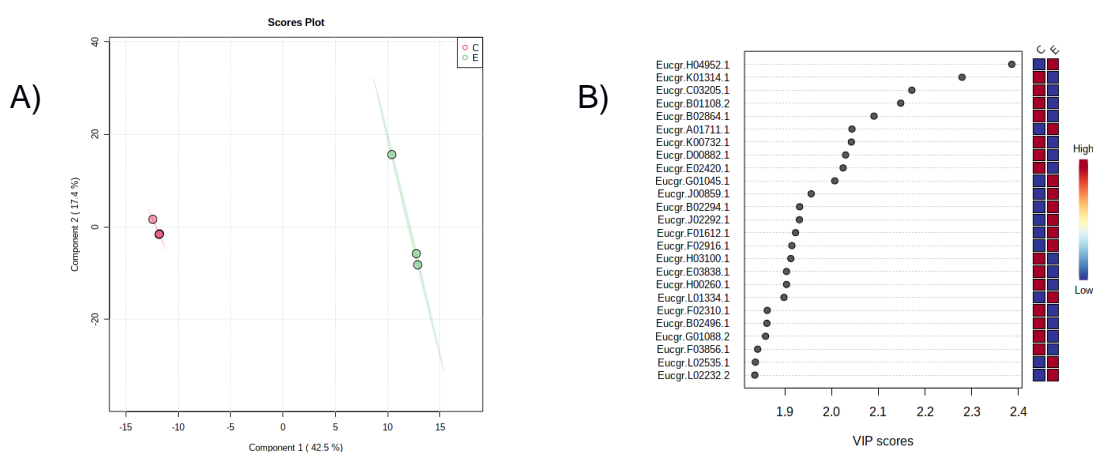


Figura 6: **A)** Gráfico PLS-DA da comparação entre os grupos Controle e Estressado para o genótipo Suscetível. O conjunto de dados obtidos para as repetições biológicas das plantas controle é representado pela cor vermelha; o das plantas estressadas é representado pela cor verde. Os principais parâmetros de validação da análise PLS-DA apresentaram Acurácia igual a 1,0, R^2 igual a 1,0 e Q^2 igual a 0,76. **B)** Gráfico VIP Scores para as 25 proteínas que mais contribuíram para a separação do Controle e Estressado com maiores “VIP Scores”, para o genótipo Suscetível.

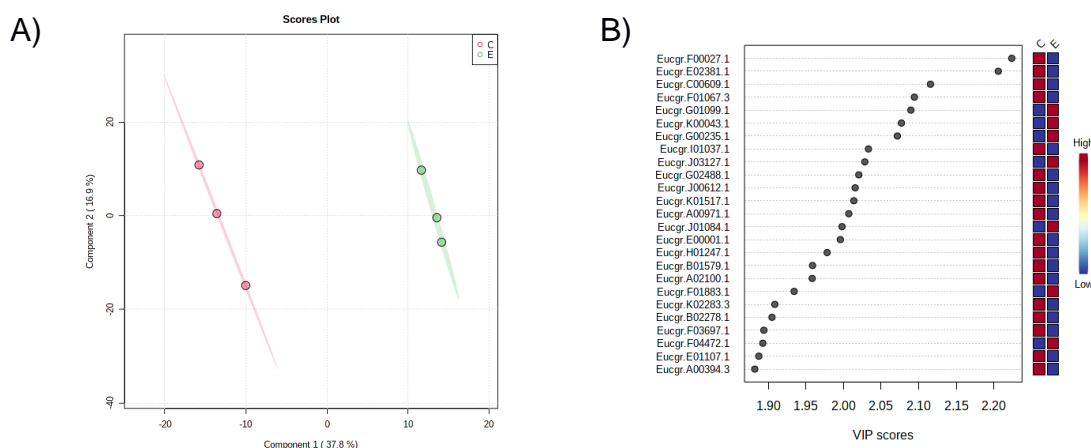


Figura 7: A) Gráfico PLS-DA da comparação entre os grupos Controle e Estressado para o genótipo Tolerante. O conjunto de dados obtidos para as repetições biológicas das plantas controle é representado pela cor vermelha; o das plantas estressadas é representado pela cor verde. Os principais parâmetros de validação da análise PLS-DA apresentaram Acurácia igual a 1,0, R^2 igual a 1,0 e Q^2 igual a 0,64. **B)** Gráfico VIP Scores para as 25 proteínas que mais contribuíram para a separação do Controle e Estressado com maiores “VIP Scores”, para o genótipo Tolerante.

Tabela 3: Proteínas da medida de VIP Score para o genótipo Suscetível. ID = identificação dentro da base de dados do *Phytozome*, VIPs = os scores da Importância da Variável em Projeção, FC = Fold Change, razão entre as abundâncias das proteínas Controle e Estressado; $\log_2(FC)$ = fold change logarítmico, C/E = razão entre as abundâncias das proteínas Controle e Estressado.

Nome	ID	VIPs	Fold Change	$\log_2(FC)$	C/E
Alcohol dehydrogenase class-P Probable 2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase 2	Eucgr.H04952.1	2.3857	0.006174	-7.3396	Down
Sucrose synthase 4	Eucgr.C03205.1	2.1718	113.98	6.8326	Up
Glucose-1-phosphate adenyltransferase large subunit 1, chloroplastic	Eucgr.B01108.2	2.1481	17.554	4.1337	Up
Fructose-bisphosphate aldolase 3, chloroplastic	Eucgr.B02864.1	2.0907	32.114	5.0051	Up
50S ribosomal protein L6, chloroplastic	Eucgr.A01711.1	2.0436	0.043862	-4.5109	Down
Protein disulfide-isomerase like 2-2	Eucgr.K00732.1	2.0422	54.241	5.7613	Up
Probable NAD(P)H dehydrogenase (quinone) FQR1-like 1	Eucgr.D00882.1	2.0299	30.993	4.9539	Up
Peroxisomal (S)-2-hydroxy-acid oxidase GLO5	Eucgr.E02420.1	2.0246	28.123	4.8137	Up
Heat shock 70 kDa protein 10, mitochondrial	Eucgr.G01045.1	2.1968	0.040605	-4.6222	Down
Eukaryotic initiation factor 4A-III homolog	Eucgr.J00859.1	1.9563	0.06624	-3.9161	Down

Usp domain-containing protein	Eucgr.B02294.1	1.9315	0.072675	-3.7824	Down
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase GAPC2, cytosolic	Eucgr.J02292.1	1.9311	0.06914	-3.8543	Down
Cysteine protease RD19A	Eucgr.F01612.1	1.9228	0.070698	-3.8222	Down
ATP synthase subunit beta, chloroplastic	Eucgr.F02916.1	1.915	0.062459	-4.0009	Down
1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase homolog 1	Eucgr.H03100.1	1.9127	22.591	4.4977	Up
Phosphoglycolate phosphatase 2	Eucgr.E03838.1	1.9035	17.025	4.0896	Up
Putative NADP-dependent oxidoreductase	Eucgr.H00260.1	1.9034	12.22	3.6112	Up
Phenylcoumaran benzylic ether reductase 1	Eucgr.L01334.1	1.8981	0.081205	-3.6223	Down
Cysteine proteinase RD21A	Eucgr.F02310.1	1.8622	10.484	3.3901	Up
Protein disulfide isomerase-like 1-4	Eucgr.B02496.1	1.8614	10.276	3.3613	Up
Peptide methionine sulfoxide reductase B2, chloroplastic	Eucgr.G01088.2	1.8586	10.235	3.3555	Up
UDP-sugar pyrophosphorylase	Eucgr.F03856.1	1.8417	9.6003	3.2631	Up
Glutathione S-transferase F6	Eucgr.L02535.1	1.8369	0.10557	-3.2437	Down
18.1 kDa class I heat shock protein	Eucgr.L02232.2	1.8355	0.10652	-3.2308	Down

Tabela 4: Proteínas da medida de VIP Score para o genótipo Tolerante. ID = identificação dentro da base de dados do *Phytozome*, VIPs = os scores da Importância da Variável em Projeção, FC = Fold Change, razão entre as abundâncias das proteínas Controle e Estressado; $\log_2(FC)$ = fold change logaritmo, C/E = razão entre as abundâncias das proteínas Controle e Estressado.

Nome	ID	VIPs	Fold Change	$\log_2(FC)$	C/E
Alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	Eucgr.F00027.1	2.223 6	851.83	9.7344	Up
Chlorophyll a-b binding protein, chloroplastic	Eucgr.E02381.1	2.205 7	695.83	9.4426	Up
NADP-dependent malic enzyme 3	Eucgr.C00609.1	2.115 6	339.18	8.4059	Up
Cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit, chloroplastic	Eucgr.F01067.3	2.094 2	48.051	5.5865	Up
Peptide methionine sulfoxide reductase B2, chloroplastic	Eucgr.G01099.1	2.089 5	0.003586 4	- 8.1233	Down
Nascent polypeptide-associated complex subunit alpha-like protein 2	Eucgr.K00043.1	2.077	0.003984 2	- 7.9715	Down
Heat shock 70 kDa protein 7, chloroplastic	Eucgr.G00235.1	2.071 6	0.003957 6	- 7.9812	Down
Serine carboxypeptidase-like 6	Eucgr.I01037.1	2.033 1	32.046	5.0021	Up
Heat shock 70 kDa protein 5	Eucgr.J03127.1	2.028 4	0.005776	- 7.4357	Down

Photosynthetic NDH subunit of lumenal location 2, chloroplastic	Eucgr.G02488.1	2.0203	190.25	7.5717	Up
5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase 1	Eucgr.J00612.1	2.0155	77.072	6.2681	Up
5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase 1	Eucgr.K01517.1	2.0138	657.17	9.3601	Up
60S ribosomal protein L9-1	Eucgr.A00971.1	2.007	215.58	7.752	Up
Phosphoglucosamine mutase family protein	Eucgr.J01084.1	1.998	0.0325	- 4.9434	Down
Phenylcoumaran benzylic ether reductase 1	Eucgr.E00001.1	1.9958	33.049	5.0465	Up
UDP-glycosyltransferase 72D1	Eucgr.H01247.1	1.9783	137.63	7.1046	Up
AB hydrolase-1 domain-containing protein	Eucgr.B01579.1	1.9589	104.49	6.7073	Up
Protein TIC 40, chloroplastic	Eucgr.A02100.1	1.9584	107.34	6.746	Up
Gamma carbonic anhydrase 1, mitochondrial	Eucgr.F01883.1	1.9344	0.011111	- 6.4919	Down
Glutamine synthetase cytosolic isozyme 1-1	Eucgr.K02283.3	1.9088			Up
Alpha-glucan phosphorylase 2, cytosolic	Eucgr.B02278.1	1.905	71.389	6.1576	Up
30S ribosomal protein S10, chloroplastic	Eucgr.F03697.1	1.8942	69.431	6.1175	Up
Metacaspase-4	Eucgr.F04472.1	1.8928	0.014809	- 6.0774	Down
Probable cinnamyl alcohol dehydrogenase 1	Eucgr.E01107.1	1.8875	63.792	5.9953	Up
Methylenetetrahydrofolate reductase 2	Eucgr.A00394.3	1.8821	61.356	5.9391	Up

Pela análise univariada, para o genótipo Suscetível foram identificadas pelo teste t (p -valor < 0,05) (Anexo 7) 122 proteínas estatisticamente significativas em relação à abundância, sendo 77 abundantes no Controle e 45 no Estressado, enquanto para o genótipo Tolerante (Anexo 8) foram 74 proteínas estatisticamente significativas, sendo 67 abundantes no Controle e 7 no Estressado. A partir dessas proteínas estatisticamente significativas foram feitas análises de enriquecimento de processos biológicos para cada genótipo e as redes de interação proteína-proteína. A análise feita pelo AgriGO mostra a rede com os termos GO para processo biológico para o genótipo Suscetível ao déficit hídrico (Figura 8) e para o genótipo Tolerante (Figura 9).

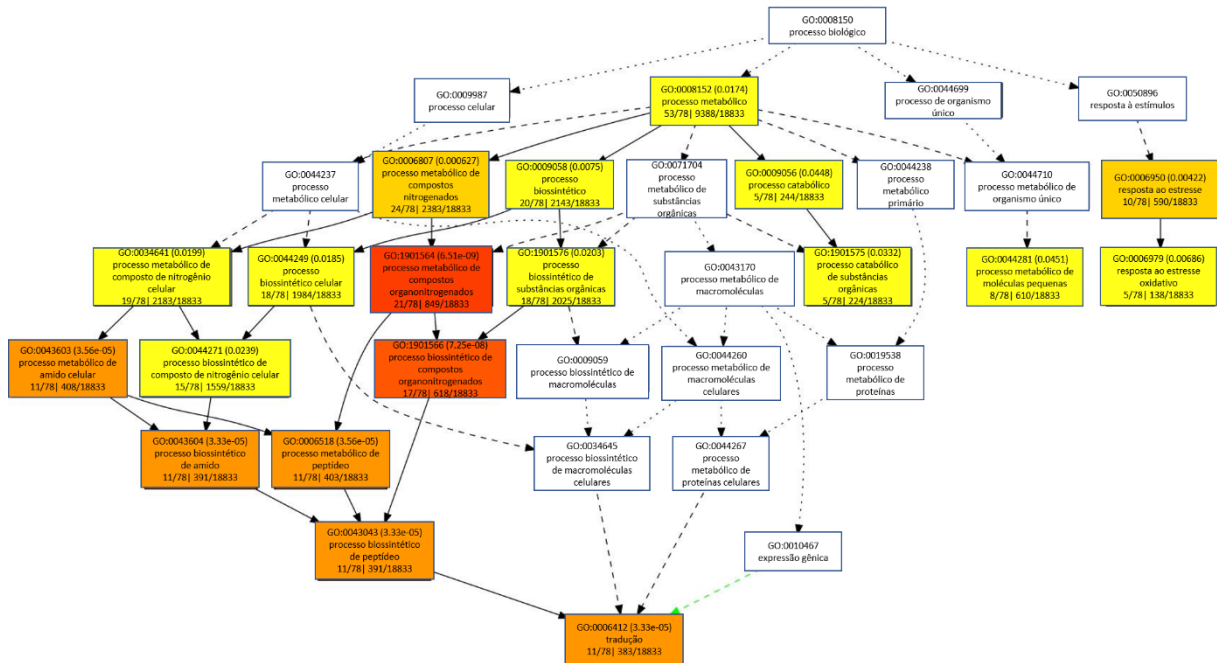


Figura 8: Rede de processos biológicos para o genótipo Suscetível. Quanto mais escura a cor dos quadrados (nós) com os GO termos, maior o nível de significância destes.

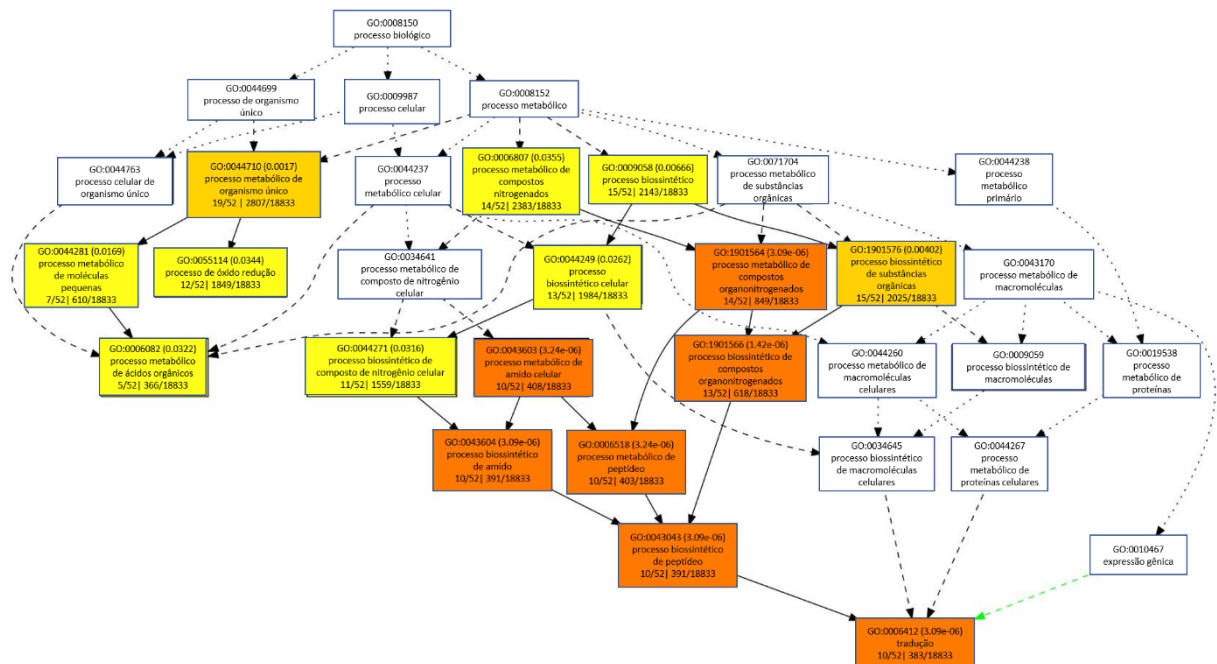


Figura 9: Rede de processos biológicos para o genótipo Tolerante. Quanto mais escura a cor dos quadrados (nós) com os GO termos, maior o nível de significância destes.

Na Figura 8 vemos que os GO termos com maiores níveis de significância são aqueles relacionados aos compostos nitrogenados orgânicos. Além disso, para o genótipo suscetível há a presença de GO termos relacionados ao estresse, o que não

é visto para o genótipo tolerante. No entanto, para o genótipo Tolerante (Figura 9) além de apresentar GO termos significantes para compostos nitrogenados, os GO termos relacionados com os processos metabólicos e biossintéticos de peptídeos e amido, e com a tradução, foram mais significativos do que no genótipo suscetível.

As redes de interação proteína-proteína para o genótipo Suscetível (Figura 10) e para o Tolerante (Figura 11) mostram, em destaque, as proteínas relacionadas a respostas a estresses e a respostas ao estresse oxidativo.

Entre as proteínas presentes na rede de interação proteína-proteína do genótipo Suscetível (Figura 10) há três proteínas *heat shock* distintas (HSP18.2, HSP90.1, HSP101); a Peptide methionine sulfoxide reductase B2 (MSRB2); a Aquitina 7 (ACT7); Anexina 1(ANNAT1); proteína disulfide isomerase-like 1-4 (PDIL1-4); Elongation factor 2 (LOS1); 60S ribosomal protein L23a-2 (RPL23AB); L-ascorbate peroxidase T (TAPX); entre outras (Anexo 1). No presente estudo, vimos que a proteína Elongation factor 2 (LOS1/EF-2) interage com diversas outras proteínas, entre elas está o fator de iniciação EIF4A-III, a actina ACT7, a ubiquitina UBQ6 e várias proteínas ribossomais, como RPL16A, RPL23AB, RPL24, EMB3126, emb2184. E que a TAPX interage com diversas proteínas, entre elas a RPE, a GS2, CSD2, APG1, APL1 e várias proteínas ribossomais.

A rede de interação proteína-proteína do genótipo Tolerante (Figura 11) parece ser menos complexa do que a rede do genótipo suscetível. Entre as proteínas para essa rede há a *heat shock* 81.4; a NADPH-dependent alkenal/one oxidoreductase (AOR); a Superoxide dismutase [Mn] 1 (MSD1); a Superoxide dismutase [Cu-Zn] 1 (CSD1); a Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (GAPC2); entre outras (Anexo 2). Nesse trabalho vimos que a proteína Cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit (PetC) interage com algumas proteínas, entre elas, a proteína ribossomal emb2394; com proteínas do fotossistema, a LHCA2, a PSBD, a AT5G07020; proteínas carreadoras de ATP/ADP, AAC2, AAC3; a proteína CaS, a AOR e a MSD1.

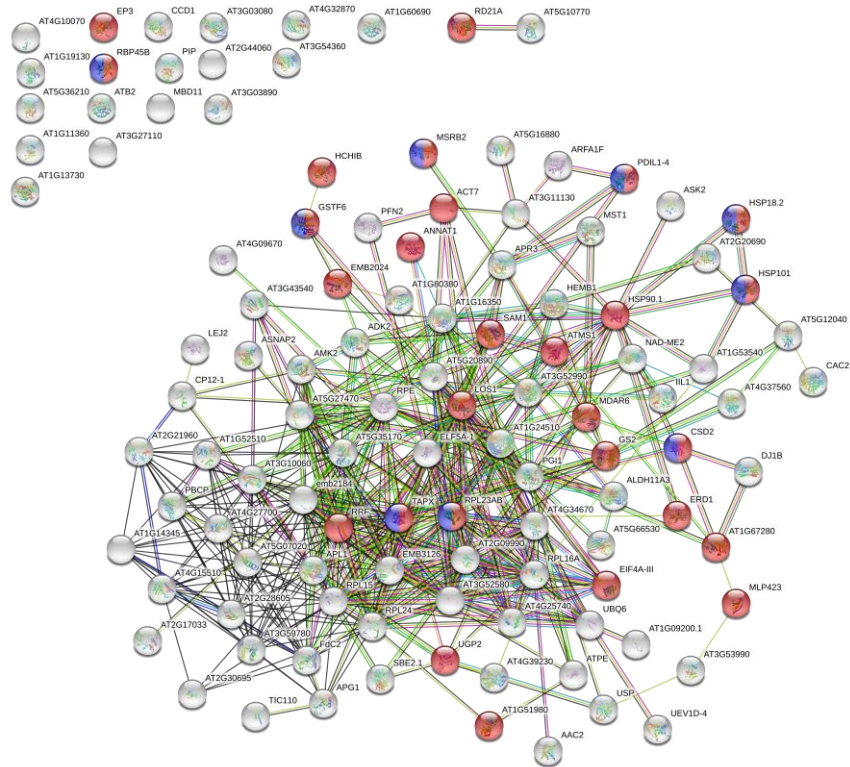


Figura 10: Rede de interação proteína-proteína para o genótipo Suscetível de folha. Em vermelho as proteínas relacionadas a resposta a estresses, e em azul e vermelho àquelas relacionadas a resposta ao estresse oxidativo e a estresses. As proteínas que não interagiram estão dispostas no canto esquerdo superior da figura. A linha azul clara representa as interações conhecidas de base de dados curada, a linha rosa representa as interações determinadas experimentalmente, a linha verde representa interações entre genes vizinhos, enquanto que a linha vermelha é para fusões de genes e a azul escura para co-ocorrência de genes, a linha amarela representa textmining, a linha preta co-expressão e a linha cinza representa proteínas homólogas.

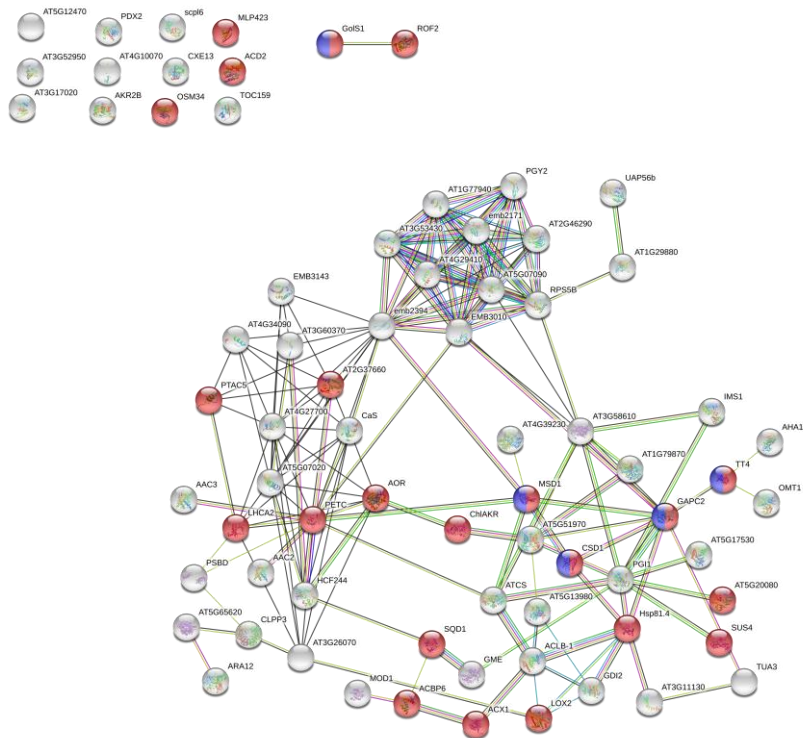


Figura 11: Rede de interação proteína-proteína para as amostras de folha do genótipo Tolerante. Em vermelho as proteínas relacionadas a resposta a estresses, e em azul e vermelho àquelas relacionadas a resposta ao estresse oxidativo e a estresses. As proteínas que não interagiram estão dispostas no canto esquerdo superior da figura. A linha azul clara representa as interações conhecidas de base de dados curada, a linha rosa representa as interações determinadas experimentalmente, a linha verde representa interações entre genes vizinhos, enquanto que a linha vermelha é para fusões de genes e a azul escura para co-ocorrência de genes, a linha amarela representa textmining, a linha preta co-expressão e a linha cinza representa proteínas homólogas.

5.2.2. Análise entre genótipos (Suscetível e Tolerante)

Para investigar as diferenças entre o perfil proteico de cada genótipo foi feita uma segunda análise estatística, por meio de análise univariada (teste t), e de análise multivariada (PLS-DA), pelo programa *online MetaboAnalyst*, utilizando agora apenas as proteínas que foram, segundo o teste t (p -valor < 0,05) (Anexo 7 e 8), estatisticamente significativas na análise entre tratamentos, e analisando-as de forma conjunta, totalizando 191 proteínas.

Pela análise multivariada, a Figura 12A apresenta o gráfico de PLS-DA, em que é possível observar uma tendência de separação entre os dois genótipos. A soma dos dois primeiros componentes principais da PLS explica 88,7% da variância dos dados do modelo. E a Figura 12B e a Tabela 5 apresentam os VIPs para os genótipos Tolerante e Suscetível. Dentre essas 25 proteínas, as proteínas Clathrin heavy chain 1 – CHC1 (Eucgr.J00193.1); a Cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit (Eucgr.F01067.3); Osmotin-like protein OSM34 (Eucgr.D01887.1); a NADPH-dependent aldo-keto reductase (Eucgr.B01499.1) e a YCF54 (Eucgr.L00742.1) estão

abundantes no genótipo Tolerante. Enquanto entre as proteínas mais abundantes no genótipo Suscetível estão a L-ascorbate peroxidase T-TAPX (Eucgr.F04344.2); Putative NADP-dependent oxidoreductase (Eucgr.H00260.1); Pyruvate kinase (Eucgr.G02720.1) e a Probable aldo-keto reductase 3 (Eucgr.L01102.1). Também na Tabela 5, há os valores de FC para esses VIPs, mostrando a diferenças de abundância de cada proteína entre os genótipos.

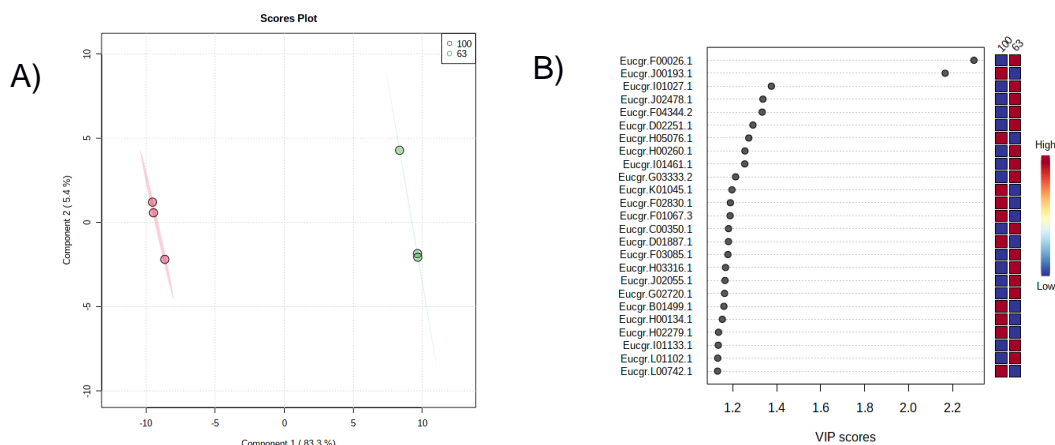


Figura 12: **A)** Gráfico PLS-DA da comparação entre os genótipos Suscetível e Tolerante. O conjunto de dados obtidos para as repetições biológicas das plantas tolerante é representado pela cor vermelha; o das plantas suscetíveis é representado pela cor verde. Os principais parâmetros de validação da análise PLS-DA apresentaram Acurácia igual a 1,0, R^2 igual a 1,0 e Q^2 igual a 0,98. **B)** Gráfico VIP Scores para as 25 proteínas que mais contribuíram para a separação dos tratamentos, com maiores “VIP Scores”.

Tabela 5: Proteínas de medida de VIP Score para a comparação entre o genótipo Suscetível e o Tolerante para folha. ID = identificação dentro da base de dados do *Phytozome*, VIPs = os scores da Importância da Variável em Projeção, FC = Fold Change, razão entre as abundâncias das proteínas Controle e Estressado; $\log_2(FC)$ = fold change logarítmo, C/E = razão entre as abundâncias das proteínas do genótipo Tolerante e Suscetível.

Nome	ID	VIPs	Fold Change	$\log_2(FC)$	100/63
Alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	Eucgr.F00026.1	2.2978	1.3896E-10	-32.745	Down
Clathrin heavy chain 1	Eucgr.J00193.1	2.1667	1.6147E-09	30.589	Up
Protein TIC110, chloroplastic	Eucgr.I01027.1	1.3755	0.0013645	-9.5174	Down
SKP1-like protein 1B	Eucgr.J02478.1	1.3371	0.0023977	-8.7041	Down
L-ascorbate peroxidase T, chloroplastic	Eucgr.F04344.2	1.3337	0.002482	-8.6543	Down
NAD-dependent malic enzyme 2, mitochondrial	Eucgr.D02251.1	1.2916	0.0041047	-7.9285	Down
CBS domain-containing protein CBSCBSPB3	Eucgr.H05076.1	1.2726	193.25	7.5943	Up

Putative NADP-dependent oxidoreductase	Eucgr.H00260.1	1.2551	0.0055103	-7.5037	Down
Pentatricopeptide repeat-containing protein At2g17033	Eucgr.I01461.1	1.2542	0.0064545	-7.2755	Down
50S ribosomal protein L1, chloroplastic	Eucgr.G03333.2	1.2126	0.0062022	-7.333	Down
ADP,ATP carrier protein 3, mitochondrial	Eucgr.K01045.1	1.1961	77.095	6.2686	Up
Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit I	Eucgr.F02830.1	1.1889	126.55	6.9835	Up
Cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit, chloroplastic	Eucgr.F01067.3	1.1876	70.916	6.148	Up
Eukaryotic translation initiation factor 5A-1	Eucgr.C00350.1	1.1804	0.010355	-6.5936	Down
Osmotin-like protein OSM34	Eucgr.D01887.1	1.1802	69.866	6.1265	Up
Probable mitochondrial-processing peptidase subunit alpha-1, mitochondrial	Eucgr.F03085.1	1.1776	0.015696	-5.9935	Down
Glucose-6-phosphate 1-epimerase	Eucgr.H03316.1	1.1669	0.017922	-5.8021	Down
Histone H3.2	Eucgr.J02055.1	1.1645	0.017652	-5.8241	Down
Pyruvate kinase	Eucgr.G02720.1	1.1623	0.018184	-5.7812	Down
NADPH-dependent aldo-keto reductase, chloroplastic	Eucgr.B01499.1	1.1594	53.166	5.7324	Up
60S ribosomal protein L23	Eucgr.H00134.1	1.1522	47.96	5.5837	Up
Subtilisin-like protease SBT1.7	Eucgr.H02279.1	1.135	40.245	5.3307	Up
40S ribosomal protein S16-1	Eucgr.I01133.1	1.1337	0.024747	-5.3366	Down
Probable aldo-keto reductase 3 YCF54	Eucgr.L01102.1	1.1314	0.023851	-5.3898	Down
	Eucgr.L00742.1	1.1304	38.693	5.274	Up

Pela análise univariada, teste t (p-valor < 0,05), das 191 proteínas 184 foram estatisticamente significativas (Anexo 9), e estas foram usadas para a construção da rede de processos biológicos pelo AgriGO (Figura 13). Nessa rede vemos que os GO termos relacionados a compostos nitrogenados, ao processo metabólico e de biossíntese de peptídeos e amido, e à tradução foram mais significativos. Além desses, houve também GO termos significativos envolvidos na resposta ao estresse e ao estresse oxidativo, e também ao processo de óxido redução.

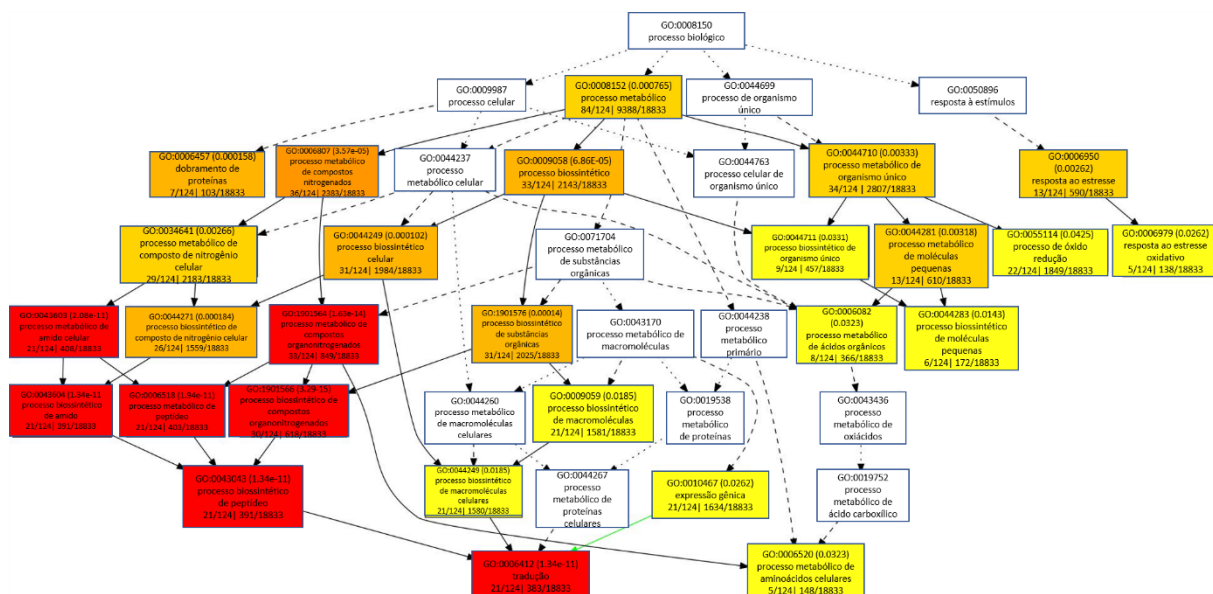


Figura 13: Rede de processo biológico para folha. Quanto mais escura a cor dos quadrados (nós) com os GO termos, maior o nível de significância destes.

5.3. Proteoma Caulinar

5.3.1. Análise entre tratamentos (Controle e Estressado)

Assim como para o proteoma foliar, a análise estatística univariada (teste t) e multivariada (PLS-DA) do proteoma caulinar para os dois genótipos (Suscetível e Tolerante) foi feita de maneira separada por meio do programa *online Metaboanalyst*. Pela análise de PLS-DA (Figuras 14A e 15A) foi possível observar uma tendência de separação entre os dois tratamentos (Controle e Estressado) nos dois grupos de estudo. A soma dos dois primeiros componentes principais da PLS-DA explica 70,4% e 64,5% da variância dos dados do modelo para o genótipo Suscetível e Tolerante, respectivamente.

Dentre os 25 principais VIPs vemos que o genótipo Suscetível (Figura 14B) possui mais proteínas abundantes no Estressado do que no Controle. Muitas das proteínas abundantes para as plantas estressadas são proteínas de resposta ao estresse, como as proteínas Heat shock 70 kDa 10 (Eucgr.G01045.1), Heat shock 70 kDa protein 5 (Eucgr.J03127.1) e a 17.6 kDa class I heat shock 3 (Eucgr.B02376.1), havendo também proteínas envolvidas na biossíntese de lignina, a Cinnamyl alcohol dehydrogenase 4 (Eucgr.G01350.1), e de compostos flavonoides, como a Flavone 3'-O-methyltransferase 1 (Eucgr.A01392.1) (Tabela 6). Enquanto que para o genótipo Tolerante (Figura 15B) há mais proteínas abundantes no Controle do que no

Estressado, e entre as proteínas abundantes nas plantas estressadas há proteínas relacionadas à defesa e resposta ao estresse, como a MLP-like protein 423 (Eucgr.H04013.3), de reprodução, como a Expansin-like B1 (Eucgr.E00360.1), tubulina, a Tubulin alpha-6 chain (Eucgr.F02183.1) e desidrogenase, a Glutamate dehydrogenase 1 (Eucgr.A02097.2) (Tabela 7).

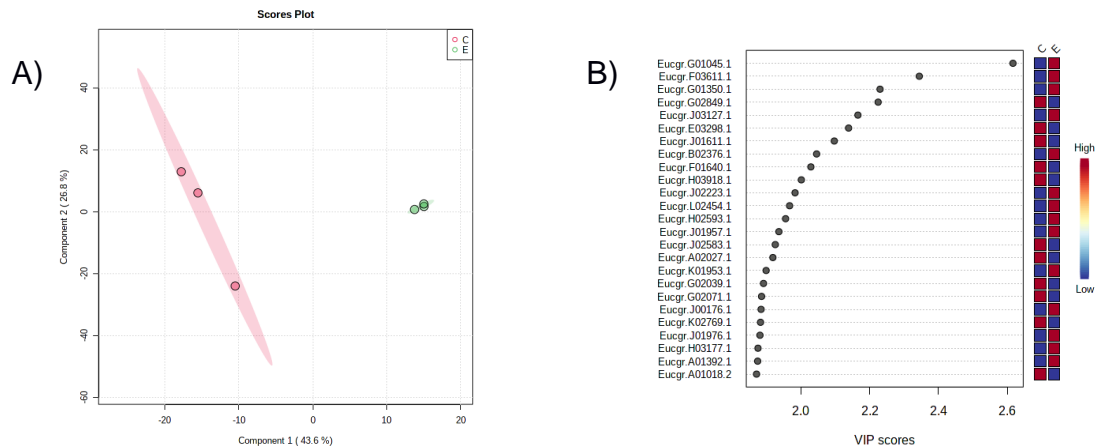


Figura 14: **A)** Gráfico PLS-DA para o caule da comparação entre os grupos Controle e Estressado para o genótipo Suscetível. O conjunto de dados obtidos para as repetições biológicas das plantas controle é representado pela cor vermelha; o das plantas estressadas é representado pela cor verde. Os principais parâmetros de validação da análise PLS-DA apresentaram Acurácia igual a 0,83, R^2 igual a 1,0 e Q^2 igual a 0,71. **B)** Gráfico VIP Scores para as 25 proteínas que mais contribuíram para a separação do Controle e Estressado com maiores “VIP Scores”, para o genótipo Suscetível.

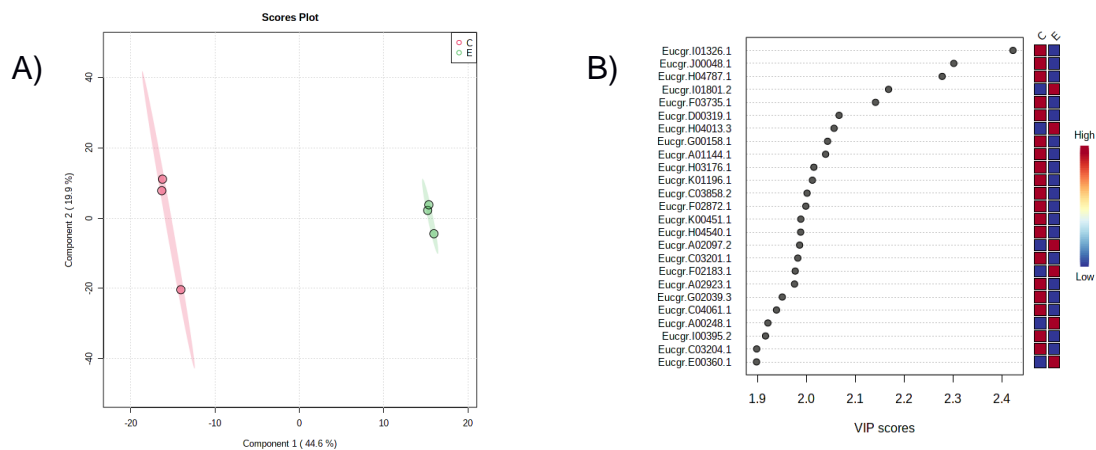


Figura 15: **A)** Gráfico PLS-DA para o caule da comparação entre os grupos Controle e Estressado para o genótipo Tolerante. O conjunto de dados obtidos para as repetições biológicas das plantas controle é representado pela cor vermelha; o das plantas estressadas é representado pela cor verde. Os principais parâmetros de validação da análise PLS-DA apresentaram Acurácia igual a 1,0, R^2 igual a 1,0 e Q^2 igual a 0,80. **B)** Gráfico VIP Scores para as 25 proteínas que mais contribuíram para a separação do Controle e Estressado com maiores “VIP Scores”, para o genótipo Tolerante.

Tabela 6: Proteínas de medida de VIP Score para o genótipo Suscetível. ID = identificação dentro da base de dados do *Phytozome*, VIPs = os scores da Importância da Variável em Projeção, FC = Fold

Change, razão entre as abundâncias das proteínas Controle e Estressado; $\log_2(\text{FC})$ = fold change logarítmico, C/E = razão entre as abundâncias das proteínas Controle e Estressado.

Nome	ID	VIPs	Fold Change	$\log_2(\text{FC})$	C/E
Heat shock 70 kDa protein 10, mitochondrial	Eucgr.G01045.1	2.6168	0.01721	-5.8606	Down
Pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit alpha 2	Eucgr.F03611.1	2.3444	0.006847	-7.1903	Down
Cinnamyl alcohol dehydrogenase 4	Eucgr.G01350.1	2.2302	0.013513	-6.2095	Down
Phenylalanine ammonia-lyase 2	Eucgr.G02849.1	2.2247	72.351	6.1769	Up
Heat shock 70 kDa protein 5	Eucgr.J03127.1	2.1658	0.045409	-4.4609	Down
Vesicle-fusing ATPase	Eucgr.E03298.1	2.1388	24.605	4.6209	Up
Glutamine synthetase cytosolic isozyme 1-1	Eucgr.J01611.1	2.0972	153.88	7.2656	Up
17.6 kDa class I heat shock protein 3	Eucgr.B02376.1	2.0458	0.071944	-3.797	Down
Endoglucanase 10	Eucgr.F01640.1	2.0291	26.273	4.7155	Up
Kinesin-like protein KIN-13A	Eucgr.H03918.1	2.2013	25.401	4.6668	Up
Isocitrate dehydrogenase [NADP], chloroplastic/mitochondrial	Eucgr.J02223.1	1.9831			Down
Phosphoribosylformylglycinamide cyclo-ligase, chloroplastic	Eucgr.L02454.1	1.9672	0.17253	-2.5351	Down
Probable nucleoredoxin 1	Eucgr.H02593.1	1.9556	0.050697	-4.302	Down
17.6 kDa class I heat shock protein 3	Eucgr.J01957.1	1.9361	0.089142	-3.4878	Down
26S proteasome regulatory subunit 7 homolog A	Eucgr.J02583.1	1.9256	14.728	3.8805	Up
At2g30880/F7F1.9	Eucgr.A02027.1	1.9185	30.146	4.9139	Up
AT5g11720/T22P22_110	Eucgr.K01953.1	1.8989	0.072722	-3.7815	Down
ATP-citrate synthase alpha chain protein 3	Eucgr.G02039.1	1.8913	12.73	3.6701	Up
65-kDa microtubule-associated protein 6	Eucgr.G02071.1	1.8857	12.907	3.6901	Up
Ferritin-4, chloroplastic	Eucgr.J00176.1	1.8843	0.11789	-3.0845	Down
KDEL-tailed cysteine endopeptidase CEP1	Eucgr.K02769.1	1.8826	12.316	3.6224	Up
17.6 kDa class I heat shock protein 3	Eucgr.J01976.1	1.881	0.079009	-3.6618	Down
Adenosylhomocysteinase 1	Eucgr.H03177.1	1.8752	0.071691	-3.8021	Down
Flavone 3'-O-methyltransferase 1	Eucgr.A01392.1	1.8743	0.071042	-3.8152	Down
Protein kinase superfamily protein	Eucgr.A01018.2	1.8711	12.563	3.6511	Up

Tabela 7: Proteínas de medida de VIP Score para o genótipo Tolerante. ID = identificação dentro da base de dados do *Phytozome*, VIPs = os scores da Importância da Variável em Projeção, FC = Fold Change, razão entre as abundâncias das proteínas Controle e Estressado; $\log_2(\text{FC})$ = fold change logarítmico, C/E = razão entre as abundâncias das proteínas Controle e Estressado.

Nome	ID	VIPs	Fold Change	$\log_2(\text{FC})$	C/E
Fructose-bisphosphate aldolase	Eucgr.I01326.1	2.4231	495.42	8.9525	Up
Actin-depolymerizing factor 4	Eucgr.J00048.1	2.3019	813.38	9.6678	Up

Annexin D2	Eucgr.H04787.1	2.2781	401.73	8.6501	Up
NADPH-dependent alkenal/one oxidoreductase, chloroplastic	Eucgr.I01801.2	2.1683	0.012373	-6.3366	Down
Serine hydroxymethyltransferase 7	Eucgr.F03735.1	2.1416	85.621	6.4199	Up
Chlorophyll a-b binding protein 1, chloroplastic	Eucgr.D00319.1	2.067	47.466	5.5688	Up
MLP-like protein 423	Eucgr.H04013.3	2.0567	0.015289	-6.0314	Down
UMP-CMP kinase 3	Eucgr.G00158.1	2.0434	39.352	5.2984	Up
Phenylalanine ammonia-lyase 1	Eucgr.A01144.1	2.0394	18.792	4.232	Up
Adenosylhomocysteinase 1	Eucgr.H03176.1	2.0153	66.983	6.0657	Up
Trifunctional UDP-glucose 4,6-dehydratase/ UDP-4-keto-6-deoxy-D-glucose 3,5-epimerase/ UDP-4-keto-L-rhamnose-reductase RHM1	Eucgr.K01196.1	2.0124	33.131	5.0501	Up
Aldehyde dehydrogenase family 2 member C4	Eucgr.C03858.2	2.2014	30.746	4.9423	Up
Glutamine synthetase cytosolic isozyyme 1-1	Eucgr.F02872.1	1.9988	150.76	7.2361	Up
Nascent polypeptide-associated complex subunit alpha-like protein 2	Eucgr.K00451.1	1.9886	28.516	4.8337	Up
60S ribosomal protein L22-2	Eucgr.H04540.1	1.9883	29.92	4.903	Up
Glutamate dehydrogenase 1	Eucgr.A02097.2	1.9862			Down
Sucrose synthase 4	Eucgr.C03201.1	1.9825	28.695	4.8427	Up
Tubulin alpha-6 chain	Eucgr.F02183.1	1.9772	0.02786	-5.1656	Down
ATP-dependent 6-phosphofructokinase 4, chloroplastic	Eucgr.A02923.1	1.9758	62.928	5.9756	Up
ATP-citrate synthase alpha chain protein 3	Eucgr.G02039.3	1.9507	24.831	4.634	Up
ATPase 8, plasma membrane-type 2-isopropylmalate synthase 2, chloroplastic	Eucgr.A00248.1	1.9212	0.016642	-5.909	Down
Bifunctional aspartate aminotransferase and glutamate/aspartate-prephenate aminotransferase	Eucgr.I00395.2	1.9163	113.69	6.829	Up
Sucrose synthase 4	Eucgr.C03204.1	1.8983	18.878	4.2386	Up
Expansin-like B1	Eucgr.E00360.1	1.898	0.052453	-4.2528	Down

Das 1682 proteínas totais obtidas para o genótipo Suscetível, 161 proteínas identificadas foram estatisticamente significativas em relação à abundância, segundo o teste t (p -valor < 0,05) (Anexo 10), sendo 105 abundantes no Controle e 56 no Estressado. Para o genótipo Tolerante, das 1768 proteínas totais, 180 proteínas foram

estatisticamente significativas, com 120 proteínas abundantes no Controle e 60 abundantes no Estressado (Anexo 11). A partir das proteínas estatisticamente significativas, foram feitas análises de enriquecimento de processos biológicos para cada genótipo e as redes de interação proteína-proteína. Como para o caule não foram gerados GO termos significativos para processos biológicos, foram usadas as redes de funções moleculares. As Figuras 16 e 17 mostram as redes com os GO termos para função molecular para o caule com genótipo Suscetível e Tolerante ao déficit hídrico, respectivamente.

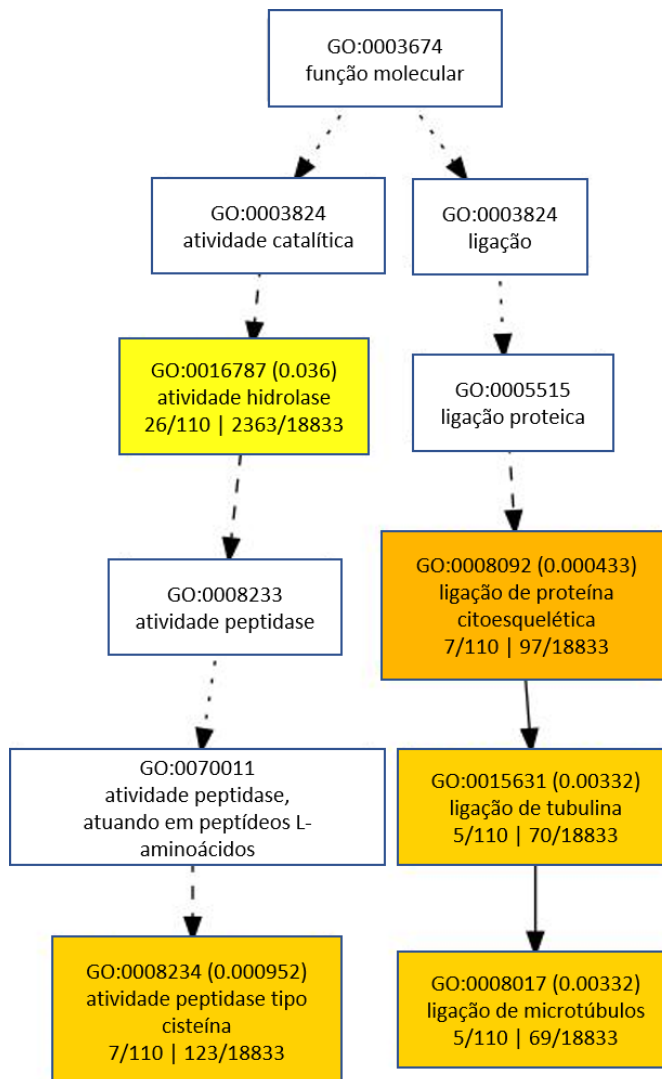


Figura 16: Rede de funções moleculares para o genótipo Suscetível. Quanto mais escura a cor dos quadrados (nós) com os GO termos, maior o nível de significância destes.

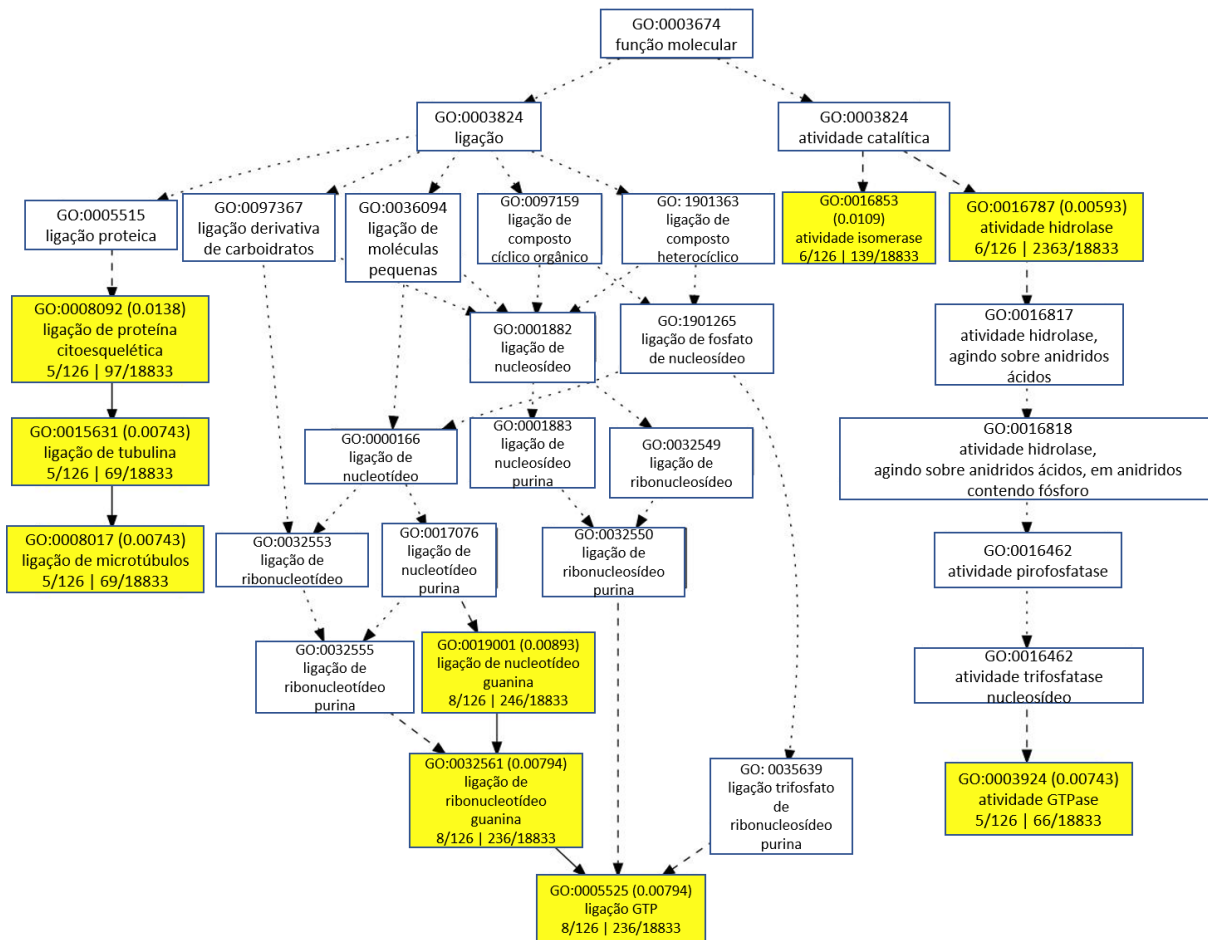


Figura 17: Rede de funções moleculares para o genótipo Tolerante. Quanto mais escura a cor dos quadrados (nós) com os GO termos, maior o nível de significância destes.

Para o genótipo Suscetível (Figura 16) vemos que os GO termos com maiores níveis de significância são aqueles relacionados às proteínas do citoesqueleto e às proteínas com atividade peptidase. Já para o genótipo Tolerante (Figura 17) a rede de funções moleculares apresenta GO termos significativos relacionados à atividade GTPase, à ligação GTP e à proteínas do citoesqueleto. Apesar dessas redes, para ambos os genótipos, não terem GO termos relacionados a resposta ao estresse, as redes de interação proteína-proteína apresentaram proteínas envolvidas nesse processo, como pode ser visto nas Figuras 18 e 19.

As redes de interação proteína-proteína para o genótipo Suscetível (Figura 18) e para o Tolerante (Figura 19) mostram, em destaque, as proteínas relacionadas às respostas a estresses e às respostas ao estresse oxidativo. Entre as proteínas encontradas nessas duas redes há diferentes proteínas *heat shock*; proteínas envolvidas na síntese de amido e celulose, como a SUS4; superoxide dismutase (SOD); a proteína serine hydroxymethyltransferase (SHM1); ascorbate peroxidase

ao estresse oxidativo e a estresses. As proteínas que não interagiram estão dispostas no canto esquerdo superior da figura. A linha azul clara representa as interações conhecidas de base de dados curada, a linha rosa representa as interações determinadas experimentalmente, a linha verde representa interações entre genes vizinhos, enquanto que a linha vermelha é para fusões de genes e a azul escura para co-ocorrência de genes, a linha amarela representa textmining, a linha preta co-expressão e a linha cinza representa proteínas homólogas.

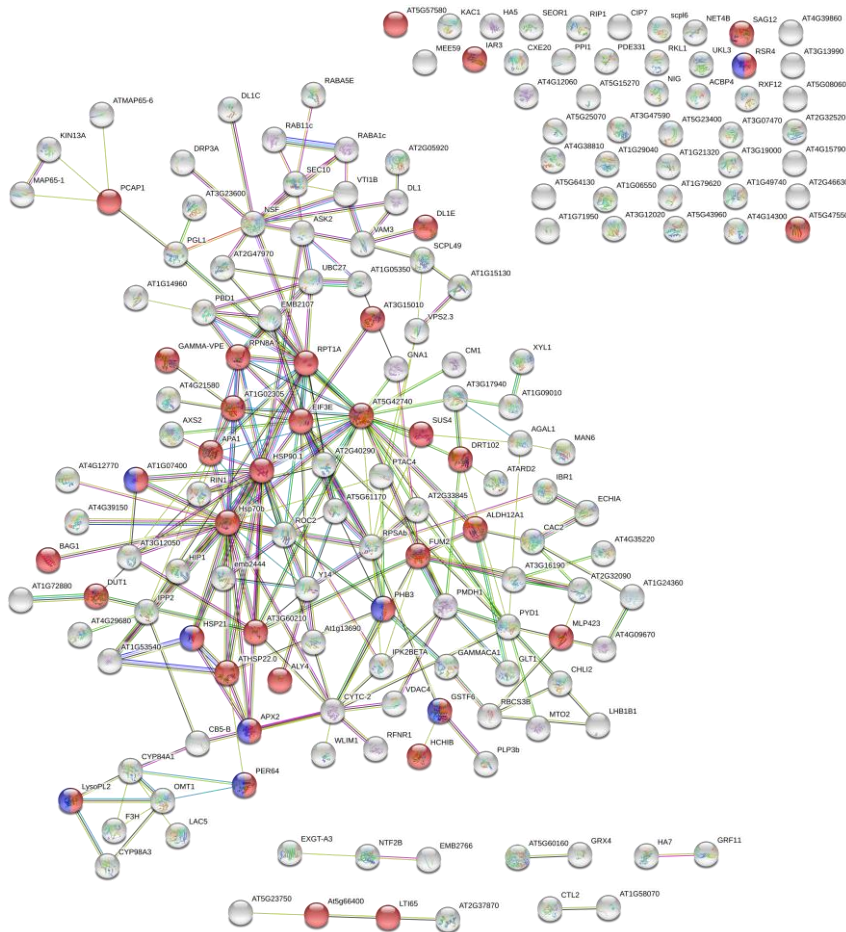


Figura 19: Rede de interação proteína-proteína para caule com genótipo Tolerante. Em vermelho as proteínas relacionadas a resposta a estresses, e em azul e vermelho aquelas relacionadas a resposta ao estresse oxidativo e a estresses. As proteínas que não interagiram estão dispostas no canto direito superior da figura. A linha azul clara representa as interações conhecidas de base de dados curada, a linha rosa representa as interações determinadas experimentalmente, a linha verde representa interações entre genes vizinhos, enquanto que a linha vermelha é para fusões de genes e a azul escura para co-ocorrência de genes, a linha amarela representa textmining, a linha preta co-expressão e a linha cinza representa proteínas homólogas.

5.3.2. Análise entre genótipos (Suscetível e Tolerante)

A partir das proteínas estatisticamente significativas obtidas na análise entre tratamentos (Anexos 10 e 11), foi feita uma segunda análise estatística univariada (teste t) e multivariada (PLS-DA) pelo programa *online MetaboAnalyst*, em que as proteínas de ambos os genótipos (Suscetível e Tolerante) foram analisadas de forma

conjunta, a fim de investigar as diferenças entre o perfil proteico de cada genótipo. Para a análise multivariada, a Figura 20A apresenta o gráfico de PLS-DA, em que é possível observar uma tendência de separação entre os genótipos Suscetível e Tolerante. A soma dos dois primeiros componentes principais da PLS-DA explica 86,4% da variância dos dados do modelo.

E a Figura 20B mostra os principais 25 VIPs para os genótipos Tolerante e Suscetível. Entre as proteínas abundantes para o genótipo Tolerante há proteínas relacionadas aos flavonoides, Flavone 3'-O-methyltransferase 1 (Eucgr.A01392.1); proteínas do citocromo, Cytochrome c-2 (Eucgr.F02978.1); de transporte, a AAI domain-containing protein (Eucgr.L01908.1); de dobramento e degradação de proteínas, a Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP19-3 (Eucgr.B02135.1) e a SKP1-like protein 1B (Eucgr.E01268.1), entre outras (Tabela 8). Já entre as abundantes para o genótipo Suscetível há proteína *heat shock*, como a 17.6 kDa class I heat shock protein 3 (Eucgr.J01957.1); proteínas relacionadas à auxina, a Receptor-like kinase TMK4 (Eucgr.H00009.1); álcool desidrogenase, a Alcohol dehydrogenase class-3 (Eucgr.K01401.1); entre outras.

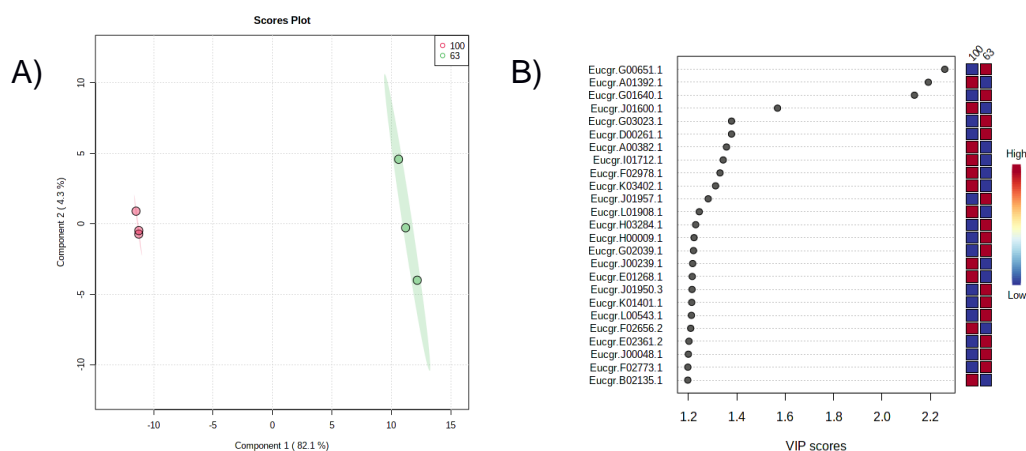


Figura 20: **A)** Gráfico PLS-DA da comparação entre os genótipos Suscetível e Tolerante. O conjunto de dados obtidos para as repetições biológicas das plantas tolerantes é representado pela cor vermelha; o das plantas suscetíveis é representado pela cor verde. Os principais parâmetros de validação da análise PLS-DA apresentaram Acurácia igual a 1,0, R^2 igual a 1,0 e Q^2 igual a 0,98. **B)** Gráfico VIP Scores para as 25 proteínas que mais contribuíram para a separação dos tratamentos, com maiores “VIP Scores”.

Tabela 8: Proteínas de medida de VIP Score para a comparação entre o genótipo Suscetível e o Tolerante de caule. ID = identificação dentro da base de dados do *Phytozome*, VIPs = os scores da Importância da Variável em Projeção, FC = Fold Change, razão entre as abundâncias das proteínas

Controle e Estressado; log₂(FC) = fold change logarítmico, C/E = razão entre as abundâncias das proteínas do genótipo Tolerante e Suscetível.

Nome	ID	VIPs	Fold Change	log ₂ (FC)	100/63
Beta-D-xylosidase 4	Eucgr.G00651.1	2.2594	1.2482E-09	-29.578	Down
Flavone 3'-O-methyltransferase 1	Eucgr.A01392.1	2.1914	6.3288E-08	29.237	Up
Diaminopimelate decarboxylase 2, chloroplastic	Eucgr.G01640.1	2.134	2.2604E-08	-25.399	Down
ALWAYS EARLY 4	Eucgr.J01600.1	1.5682	4105.4	12.003	Up
LIM domain-containing protein WLIM2b	Eucgr.G03023.1	1.3782	0.0027902	-8.4854	Down
CSC1-like protein ERD4	Eucgr.D00261.1	1.3781	0.002876	-8.4417	Down
Probable enoyl-CoA hydratase 1, peroxisomal	Eucgr.A00382.1	1.3573	270.73	8.0807	Up
Protein SIEVE ELEMENT OCCLUSION B	Eucgr.I01712.1	1.3438	230.8	7.8505	Up
Cytochrome c-2	Eucgr.F02978.1	1.3306	226.93	7.8261	Up
AT3g23600/MDB19_9	Eucgr.K03402.1	1.3122	159.95	7.3214	Up
17.6 kDa class I heat shock protein 3	Eucgr.J01957.1	1.2818	0.0079746	-6.9704	Down
AAI domain-containing protein	Eucgr.L01908.1	1.245	86.494	6.4345	Up
Calreticulin-2	Eucgr.H03284.1	1.2301	0.010607	-6.5589	Down
Receptor-like kinase TMK4	Eucgr.H00009.1	1.2233	0.01576	-5.9876	Down
ATP-citrate synthase alpha chain protein 3	Eucgr.G02039.1	1.221	0.01321	-6.2423	Down
26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 7 homolog A	Eucgr.J00239.1	1.2176	88.13	6.4616	Up
SKP1-like protein 1B	Eucgr.E01268.1	1.2158	56.889	5.8301	Up
AT4g37300/C7A10_60	Eucgr.J01950.3	1.215	0.017102	-5.8697	Down
Alcohol dehydrogenase class-3	Eucgr.K01401.1	1.2137	0.017877	-5.8058	Down
Fumarylacetoacetase	Eucgr.L00543.1	1.2124	0.018029	-5.7935	Down
Uncharacterized oxidoreductase At4g09670	Eucgr.F02656.2	1.2095	56.891	5.8301	Up
RNA polymerase II degradation factor-like protein (DUF1296)	Eucgr.E02361.2	1.2023	0.02037	-5.6174	Down
Actin-depolymerizing factor 4	Eucgr.J00048.1	1.1998	0.020946	-5.5771	Down
TOM1-like protein 3	Eucgr.F02773.1	1.1977	0.02035	-5.6188	Down
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP19-3	Eucgr.B02135.1	1.1975	51.259	5.6797	Up

Para a análise univariada, das 313 proteínas usadas para a estatística, 280 foram estatisticamente significativas pelo teste t (p-valor < 0,05) (Anexo 12). A análise de enriquecimento feita com essas 280 proteínas mostra as redes de processos

biológicos (Figura 21) para o caule. Nessa rede o único GO termo significativo corresponde ao processo metabólico de carboidratos.

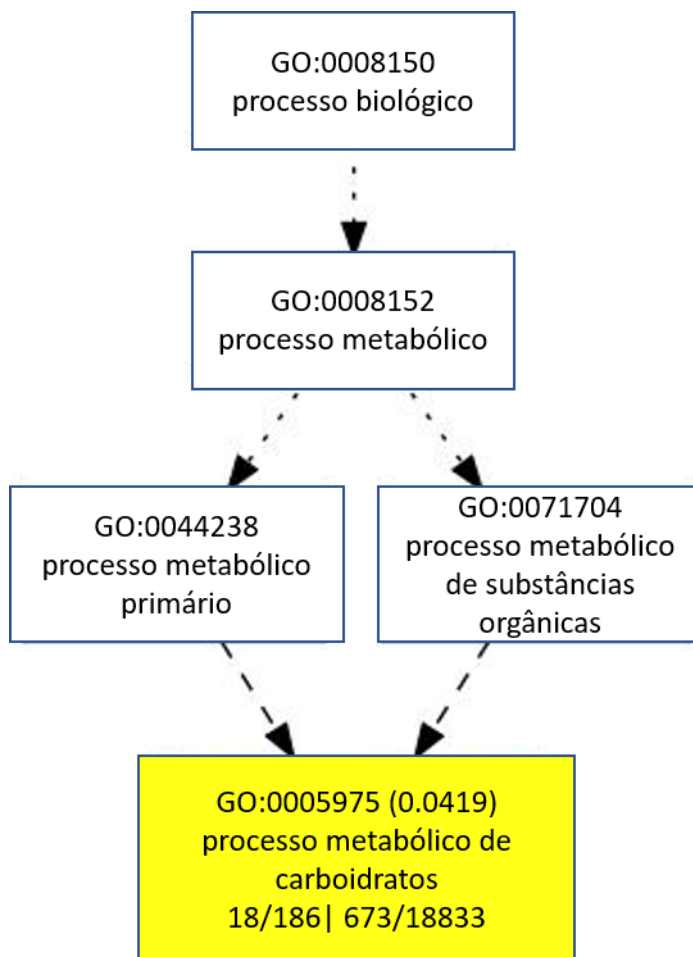


Figura 21: Rede de processos biológicos para o caule, com um único GO termo significativo.

5.4. Proteoma Radicular

5.4.1. Análise entre tratamentos (Controle e Estressado)

Para a raiz foi feita a análise estatística univariada (teste t) e multivariada (PLS-DA) do proteoma para os dois genótipos (Suscetível e Tolerante) de maneira separada por meio do programa *online* Metaboanalyst. Pela análise de PLS-DA (Figuras 22A e 23A) foi possível observar uma tendência de separação entre os dois tratamentos (Controle e Estressado) nos dois grupos de estudo. A soma dos dois primeiros

componentes principais explica 71,7% e 55,1% da variância dos dados do modelo para o genótipo Suscetível e Tolerante, respectivamente.

As Figuras 22B e 23B apresentam os 25 principais VIPs para cada um dos genótipos. O genótipo Suscetível apresenta, dentre as 25 proteínas, mais proteínas abundantes no Estressado do que no Controle. Entre essas, para o Estressado, há anexinas, Annexin D8 (Eucgr.J01193.1) e Annexin D2 (Eucgr.H04787.1); fenilalaninas, a Phenylalanine ammonia-lyase 2 (Eucgr.G02849.1); actinas, Actin-7 (Eucgr.E01137.1); proteínas de defesa, Germin-like protein subfamily 1 member 7 (Eucgr.C01763.1); proteínas envolvidas na divisão celular, no crescimento da planta e no crescimento do tubo polínico, Cell division control protein 48 homolog E (Eucgr.K01260.1) e Probable nucleoredoxin 1 (Eucgr.H02590.1); e proteína de produção de ATP, ATP-dependent 6-phosphofructokinase 3 (Eucgr.F03086.1) e Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase GAPC2 (Eucgr.J02288.1); entre outras (Tabela 9).

Já para o genótipo Tolerante, há mais proteínas abundantes no Controle do que no Estressado, e entre as proteínas abundantes para as plantas estressadas há quitinasases e endoquitinasases, Class V chitinase (Eucgr.L01120.1) e Basic endochitinase B (Eucgr.I02271.1); proteína chaperona, a Chaperone protein ClpB1 (Eucgr.B00581.1); de transdução de sinal, Disease resistance protein (TIR-NBS-LRR class) family (Eucgr.H02116.1); de resposta a estresses, Probable aldo-keto reductase 4 (Eucgr.H00466.1); entre outras (Tabela 10).

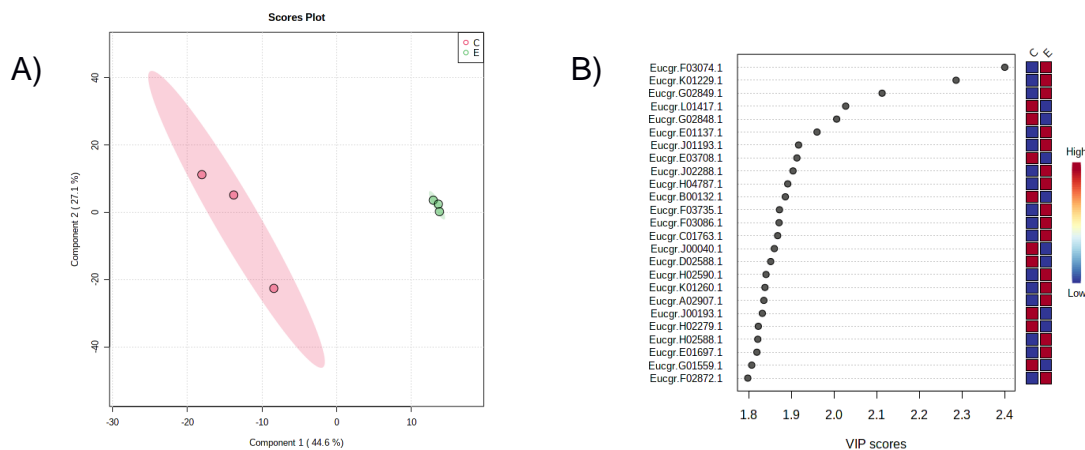


Figura 22: A) Gráfico PLS-DA para a raiz da comparação entre os grupos Controle e Estressado para o genótipo Suscetível. O conjunto de dados obtidos para as repetições biológicas das plantas controle é representado pela cor vermelha; o das plantas estressadas é representado pela cor verde. Os principais parâmetros de validação da análise PLS-DA apresentaram Acurácia igual a 0,83, R^2 igual a

0,99 e Q^2 igual a 0,65. **B)** Gráfico VIP Scores para as 25 proteínas que mais contribuíram para a separação do Controle e Estressado com maiores “VIP Scores”, para o genótipo Suscetível.

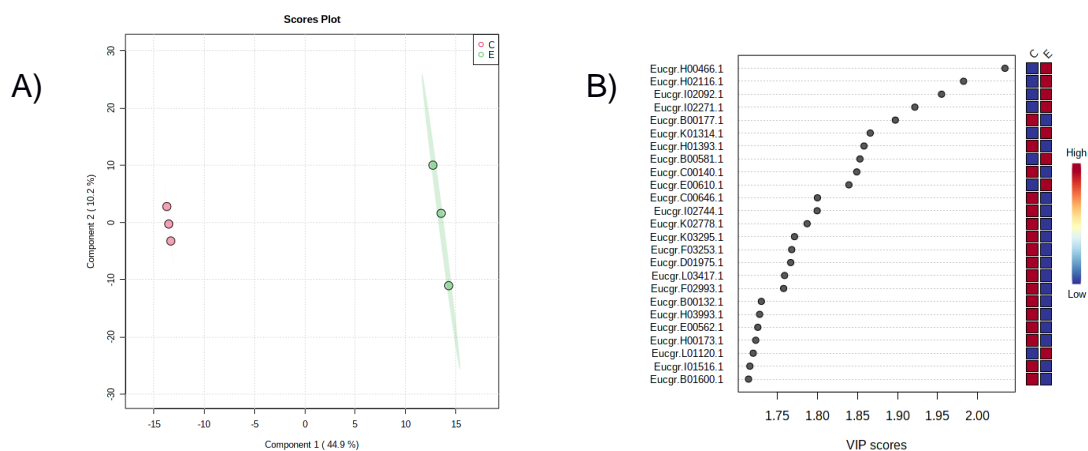


Figura 23: **A)** Gráfico PLS-DA para a raiz da comparação entre os grupos Controle e Estressado para o genótipo Tolerante. O conjunto de dados obtidos para as repetições biológicas das plantas controle é representado pela cor vermelha; o das plantas estressadas é representado pela cor verde. Os principais parâmetros de validação da análise PLS-DA apresentaram Acurácia igual a 1,0, R^2 igual a 1,0 e Q^2 igual a 0,81. **B)** Gráfico VIP Scores para as 25 proteínas que mais contribuíram para a separação do Controle e Estressado com maiores “VIP Scores”, para o genótipo Tolerante.

Tabela 9: Proteínas da medida de VIP Score para o genótipo Suscetível. ID = identificação dentro da base de dados do *Phytozome*, VIPs = os scores da Importância da Variável em Projeção, FC = Fold Change, razão entre as abundâncias das proteínas Controle e Estressado; $\log_2(FC)$ = fold change logarítmico, C/E = razão entre as abundâncias das proteínas Controle e Estressado.

Nome	ID	VIPs	Fold Change	$\log_2(FC)$	C/E
NADP-dependent malic enzyme 4, chloroplatic	Eucgr.F03074.1	2.4001	0.002554	-8.6131	Down
Glutathione S-transferase F9	Eucgr.K01229.1	2.286	0.0055666	-7.489	Down
Phenylalanine ammonia-lyase 2	Eucgr.G02849.1	2.1127	0.016735	-5.901	Down
Glutathione S-transferase U8	Eucgr.L01417.1	2.0274	36.729	5.1988	Up
Phenylalanine ammonia-lyase 1	Eucgr.G02848.1	2.1963	32.961	5.0427	Up
Actin-7	Eucgr.E01137.1	1.9603	0.021402	-5.5461	Down
Annexin D8	Eucgr.J01193.1	1.9171	28.168	4.816	Down
Peroxidase 27	Eucgr.E03708.1	1.9132	21.915	4.4539	Up
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase GAPC2, cytosolic	Eucgr.J02288.1	1.904	0.044498	-4.4901	Down
Annexin D2	Eucgr.H04787.1	1.8917	0.21495	-2.2179	Down
Uncharacterized protein	Eucgr.B00132.1	1.8861	18.058	4.1746	Up
Serine hydroxymethyltransferase 7	Eucgr.F03735.1	1.8723	0.042568	-4.5541	Down
ATP-dependent 6-phosphofructokinase 3	Eucgr.F03086.1	1.8714	0.057583	-4.1182	Down
Germin-like protein subfamily 1 member 7	Eucgr.C01763.1	1.8681	0.046577	-4.4242	Down

UDP-glucuronic acid decarboxylase 3	Eucgr.J00040.1	1.8603	21.004	4.3926	Up
60S ribosomal protein L13-1	Eucgr.D02588.1	1.8518	15.775	3.9795	Up
Probable nucleoredoxin 1	Eucgr.H02590.1	1.8408	0.10298	-3.2795	Down
Cell division control protein 48 homolog E	Eucgr.K01260.1	1.8383	0.071871	-3.7985	Down
At5g61510	Eucgr.A02907.1	1.8357	0.072339	-3.7891	Down
Clathrin heavy chain 1	Eucgr.J00193.1	1.8322	28.168	4.816	Up
Subtilisin-like protease SBT1.7	Eucgr.H02279.1	1.8228	13.349	3.7386	Up
Probable nucleoredoxin 1	Eucgr.H02588.1	1.8215	0.077415	-3.6913	Down
ATP synthase subunit delta', mitochondrial	Eucgr.E01697.1	1.8194	0.078043	-3.6796	Down
Aspartyl protease family protein At5g10770	Eucgr.G01559.1	1.8074	12.169	3.6051	Up
Glutamine synthetase cytosolic isozyme 1-1	Eucgr.F02872.1	1.7981	0.079573	-3.6516	Down

Tabela 10: Proteínas da medida de VIP Score para o genótipo Tolerante. ID = identificação dentro da base de dados do *Phytozome*, VIPs = os scores da Importância da Variável em Projeção, FC = Fold Change, razão entre as abundâncias das proteínas Controle e Estressado; $\log_2(\text{FC})$ = fold change logarítimo, C/E = razão entre as abundâncias das proteínas Controle e Estressado.

Nome	ID	VIPs	Fold Change	$\log_2(\text{FC})$	C/E
Probable aldo-keto reductase 4	Eucgr.H00466.1	2.0342	0.010599	-6.5599	Down
Disease resistance protein (TIR-NBS-LRR class) family	Eucgr.H02116.1	1.9825	0.034522	-4.8563	Down
6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating 2	Eucgr.I02092.1	1.9549	0.037889	-4.7221	Down
Basic endochitinase B	Eucgr.I02271.1	1.9216	0.036809	-4.7638	Down
31 kDa ribonucleoprotein, chloroplastic	Eucgr.B00177.1	1.8972	18.647	4.2209	Up
Probable 2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase 2	Eucgr.K01314.1	1.8658	0.017899	-5.804	Down
Isopentenyl-diphosphate Delta-isomerase II, chloroplastic	Eucgr.H01393.1	1.8581	24.311	4.6035	Up
Chaperone protein ClpB1	Eucgr.B00581.1	1.853	0.056009	-4.1582	Down
ATPase 2, plasma membrane-type	Eucgr.C00140.1	1.849	17.983	4.1686	Up
Serine hydroxymethyltransferase 4	Eucgr.E00610.1	1.8392	0.050422	-4.3098	Down
Glycine dehydrogenase (decarboxylating) 1, mitochondrial	Eucgr.C00646.1	1.7999	12.568	3.6517	Up
Ferredoxin-2, chloroplastic	Eucgr.I02744.1	1.7995	12.062	3.5924	Up
RNA-binding protein CP31B, chloroplastic	Eucgr.K02778.1	1.787	11.388	3.5095	Up
Cytochrome P450 94B1	Eucgr.K03295.1	1.7712	11.422	3.5137	Up
UBP1-associated protein 2C	Eucgr.F03253.1	1.7677	10.653	3.4132	Up
AT-hook motif nuclear-localized protein 1	Eucgr.D01975.1	1.7665	11.785	3.5589	Up
Glutathione hydrolase 3	Eucgr.L03417.1	1.7588	10.932	3.4504	Up
Patellin-3	Eucgr.F02993.1	1.7576	4.8584	2.2805	Up

Uncharacterized protein	Eucgr.B00132.1	1.7298	9.8626	3.302	Up
MLP-like protein 423	Eucgr.H03993.1	1.7276	15.428	3.9475	Up
16 kDa phloem protein 2	Eucgr.E00562.1	1.7254	8.9731	3.1656	Up
Electron transfer flavoprotein subunit beta, mitochondrial	Eucgr.H00173.1	1.7228	10.164	3.3453	Up
Class V chitinase	Eucgr.L01120.1	1.7196	0.10958	-3.1899	Down
Ubiquitin domain-containing protein DSK2b	Eucgr.I01516.1	1.7155	8.886	3.1515	Up
60S ribosomal protein L22-2	Eucgr.B01600.1	1.7138	8.539	3.0941	Up

Na análise univariada, das 1314 proteínas totais identificadas para o genótipo Suscetível, 144 proteínas foram estatisticamente significativas (p -valor $< 0,05$) (Anexo 13), sendo 55 abundantes nas plantas bem irrigadas (Controle) e 89 nas plantas sob déficit hídrico (Estressado). Enquanto que para o genótipo Tolerante, das 1328 proteínas identificadas, 177 foram estatisticamente significativas (p -valor $< 0,05$) (Anexo 14), com 133 abundantes no Controle e 44 no Estressado. A partir dessas proteínas estatisticamente significativas, foram feitas análises de enriquecimento de processos biológicos e as redes de interação proteína-proteína para cada genótipo. A análise feita pelo AgriGO mostra as redes com os termos GO para processos biológicos para a raiz de genótipo Suscetível (Figura 24) e Tolerante ao déficit hídrico (Figura 25).

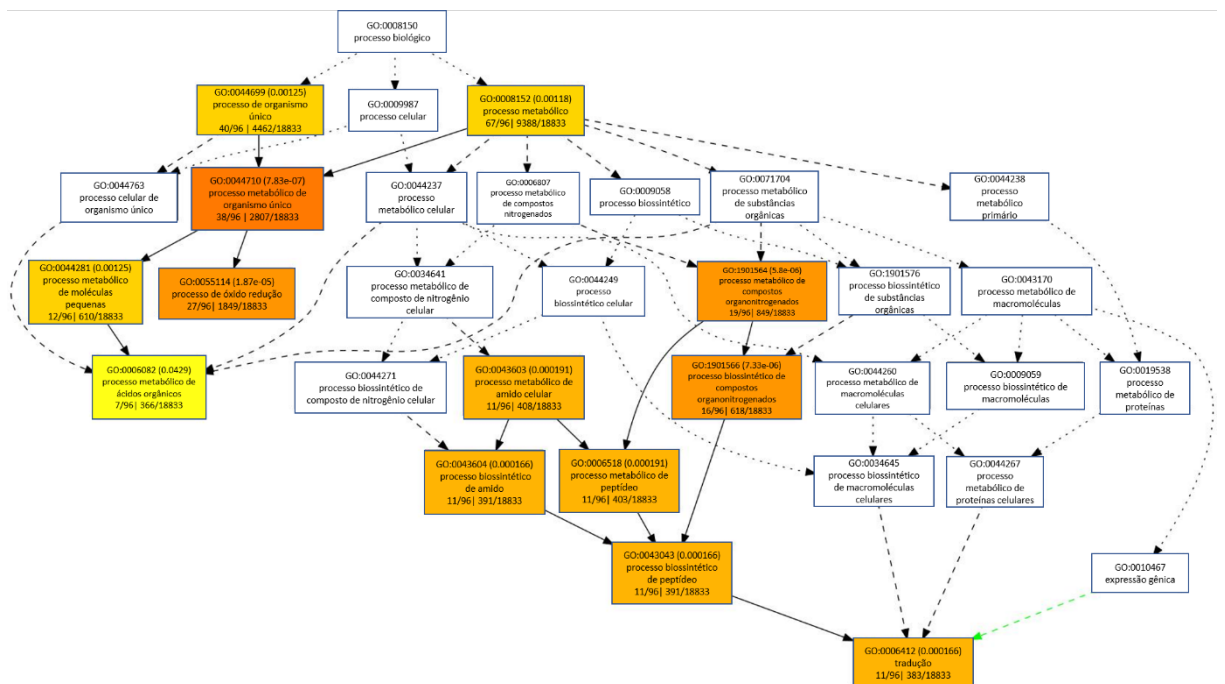


Figura 24: Rede de processos biológicos para o genótipo Suscetível de raiz. Quanto mais escura a cor dos quadrados (nós) com os GO termos, maior o nível de significância destes.

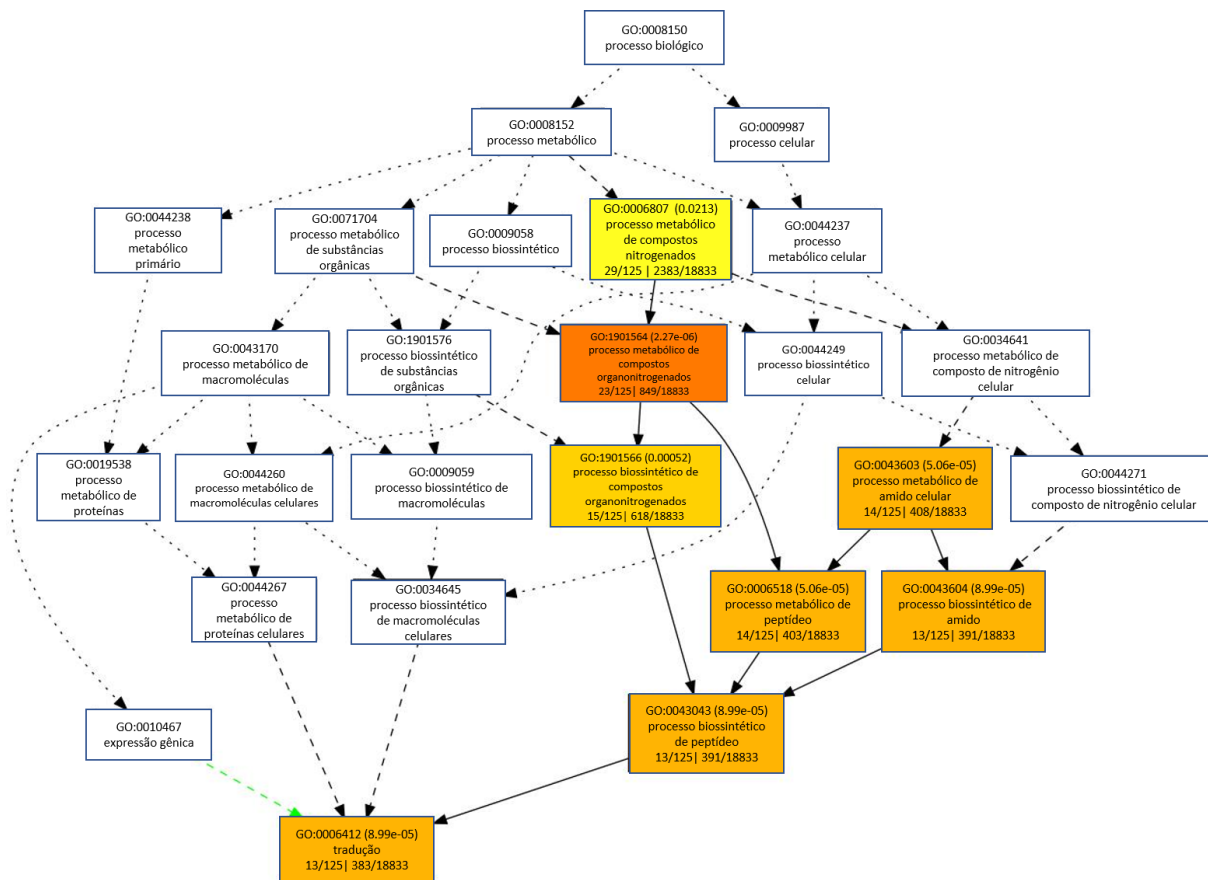


Figura 25: Rede de processos biológicos para o genótipo Tolerante de raiz. Quanto mais escura a cor dos quadrados (nós) com os GO termos, maior o nível de significância destes.

Na Figura 24 vemos que os GO termos com maiores níveis de significância são aqueles relacionados aos compostos nitrogenados orgânicos, ao processo de óxido redução, de ácidos orgânicos, aos processos metabólicos e biossintéticos de peptídeos e amido, e à tradução. A rede para o genótipo Tolerante (Figura 25) possui GO termos significativos para processos relacionados aos compostos nitrogenados, aos processos metabólicos e de biossíntese de amido e de peptídeos e relacionados à tradução.

As redes de interação proteína-proteína para o genótipo Suscetível (Figura 26) e para o Tolerante (Figura 27), mostram, em destaque, as proteínas relacionadas a respostas a estresses e a respostas ao estresse oxidativo.

Na rede de interação proteína-proteína para o genótipo Suscetível, vemos que entre as proteínas em destaque há a SUS4, uma proteína envolvida com a biossíntese de amido; álcool dehydrogenase (ADH1); a L-ascorbate peroxidase 2 (APX2), que

assim como a L-ascorbate peroxidase T (TAPX), está envolvida na remoção do peróxido de hidrogênio (Anexo 5). Neste trabalho, as proteínas (EIF3E) e (LOS1) interagem com proteínas ribossomais como a RS27A, a EMB3010, a PGY2, a AT1G74050, a AT3G53430, a AT3G09630, a AT4G34670, a AT4G29410, a AT5G24510 e a AT3G02560, a Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit F (EIF2), e a 26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 14 (AT5G23540).

Já para a rede de interação proteína-proteína para o genótipo Tolerante temos entre as proteínas em destaque a RPL23AB, a quitinase de classe V (ChiC), proteínas *heat shock*, a superoxide dismutase (SOD), Low expression of osmotically-responsive genes 4 protein (LOS4), entre outras (Anexo 6). Nessa rede, a proteína RPL23AB interage com outras proteínas ribossomais como a RPSAb, a EMB3010, a AT3G57490, a AT5G09500, a emb2171, a AT1G34030.1, a AT5G22440, a AT3G05560, a AT4G29410, a AT3G09630, com as RNA-binding AT4G25740, Y14 e La1, com as translation initiation factor TIF3B1 e EIF2B, com a Elongation factor (AT1G07920), com a NACA2, com a DNA-directed RNA polymerases II, IV and V subunit 3 (NRPB3) e a Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP19-3 (ROC2).

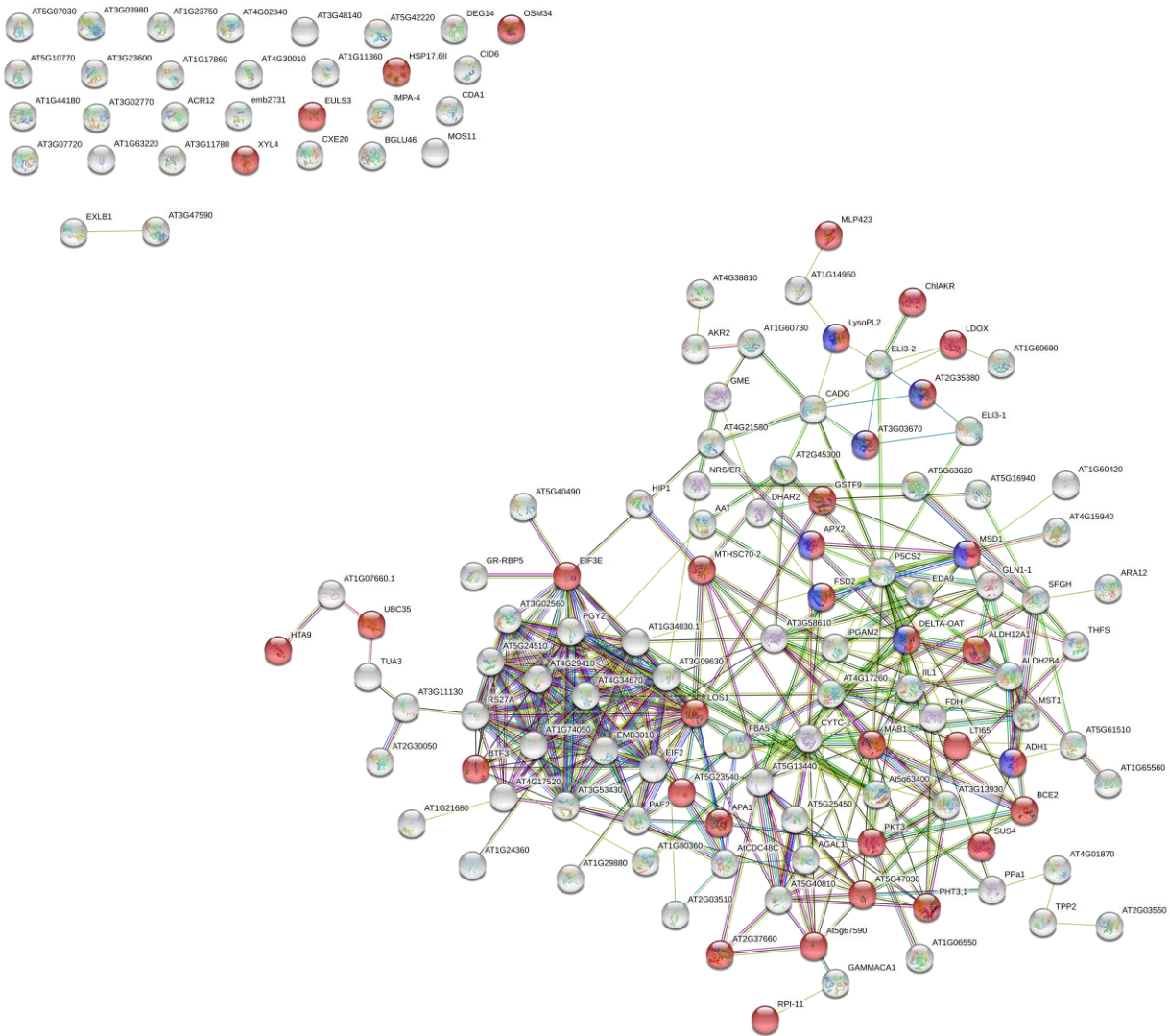


Figura 26: Rede de interação proteína-proteína para raiz com genótipo Suscetível. Em vermelho as proteínas relacionadas a resposta a estresses, e em azul e vermelho aquelas relacionadas a resposta ao estresse oxidativo e a estresses. As proteínas que não interagiram estão dispostas no canto esquerdo superior da figura. A linha azul clara representa as interações conhecidas de base de dados curada, a linha rosa representa as interações determinadas experimentalmente, a linha verde representa interações entre genes vizinhos, enquanto que a linha vermelha é para fusões de genes e a azul escura para co-ocorrência de genes, a linha amarela representa textmining, a linha preta co-expressão e a linha cinza representa proteínas homólogas.

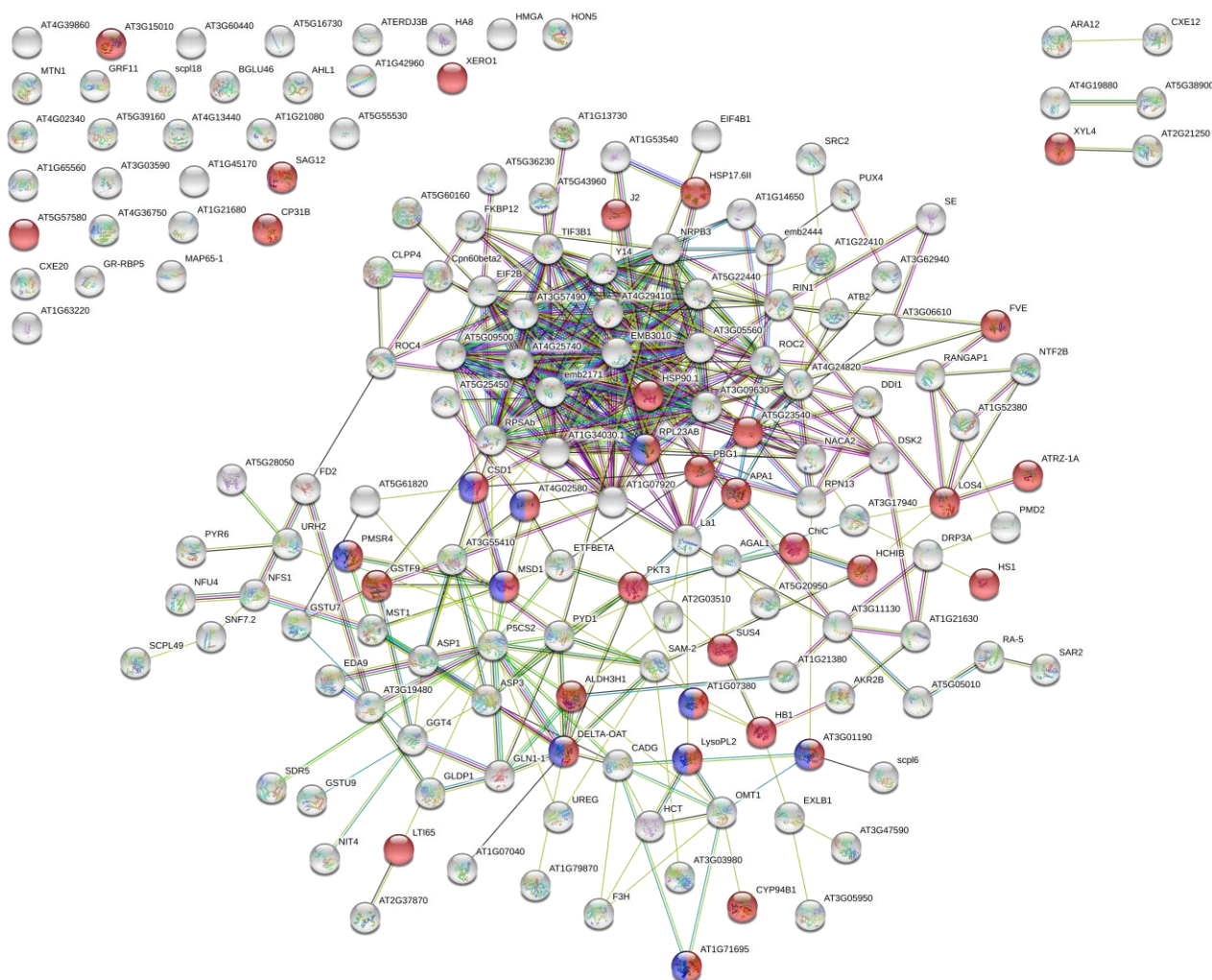


Figura 27: Rede de interação proteína-proteína para raiz com genótipo Tolerante. Em vermelho as proteínas relacionadas a resposta a estresses, e em azul e vermelho aquelas relacionadas a resposta ao estresse oxidativo e a estresses. As proteínas que não interagiram estão dispostas no canto direito e esquerdo superior da figura. A linha azul clara representa as interações conhecidas de base de dados curada, a linha rosa representa as interações determinadas experimentalmente, a linha verde representa interações entre genes vizinhos, enquanto que a linha vermelha é para fusões de genes e a azul escura para co-ocorrência de genes, a linha amarela representa textmining, a linha preta co-expressão e a linha cinza representa proteínas homólogas.

5.4.2. Análise entre genótipos (Suscetível e Tolerante)

Com as proteínas estatisticamente significativas obtidas pelo teste t (p -valor < 0,05) na análise entre tratamentos (Anexos 13 e 14), foi feita uma segunda análise estatística univariada (teste t, p -valor < 0,05) e multivariada (PLS-DA) pelo programa *online MetaboAnalyst*, em que as proteínas de ambos os genótipos foram analisadas de forma conjunta, a fim de investigar as diferenças entre o perfil proteico de cada genótipo. Desse modo, com as 291 proteínas usadas na análise multivariada, a Figura 28A apresenta o gráfico de PLS-DA, em que é possível observar uma tendência de

separação entre os dois genótipos. A soma dos dois primeiros componentes principais da PLS-DA explica 85,1% da variância dos dados do modelo.

Os 25 principais VIPs são apresentados na Figura 28B. Entre as proteínas mais abundantes no genótipo Suscetível, há proteínas oxidoredutases e com atividade oxidoredutase, a Probable nucleoredoxin 1 (Eucgr.H02588.1) e a Probable aldo-keto reductase 5 (Eucgr.L03524.1), chaperonas, como a FAM10 family protein At4g22670 (Eucgr.D02015.1), histonas, Probable histone H2A variant 3 (Eucgr.J03033.1), desidrogenases, Aldehyde dehydrogenase family 2 member B4 (Eucgr.I01821.1), peptidases, Tripeptidyl-peptidase 2 (Eucgr.A02778.1), enzimas de quebra de açúcares, Sucrose synthase 4 (Eucgr.C00769.1), entre outras (Tabela 11). No genótipo Tolerante há ATPase, ATPase 8 plasma membrane-type (Eucgr.C04061.1), desidrogenases, Aldehyde dehydrogenase family 3 member H1 (Eucgr.F03800.1), Probable NAD(P)H dehydrogenase (quinone) FQR1-like 2 (Eucgr.I02466.1) e NADH dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein 2 (Eucgr.K03315.1), proteínas envolvidas no dobramento de proteínas, Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP19-3 (Eucgr.B02135.1), proteínas de defesa, Germin-like protein subfamily 1 member 7 (Eucgr.H04176.1), entre outras.

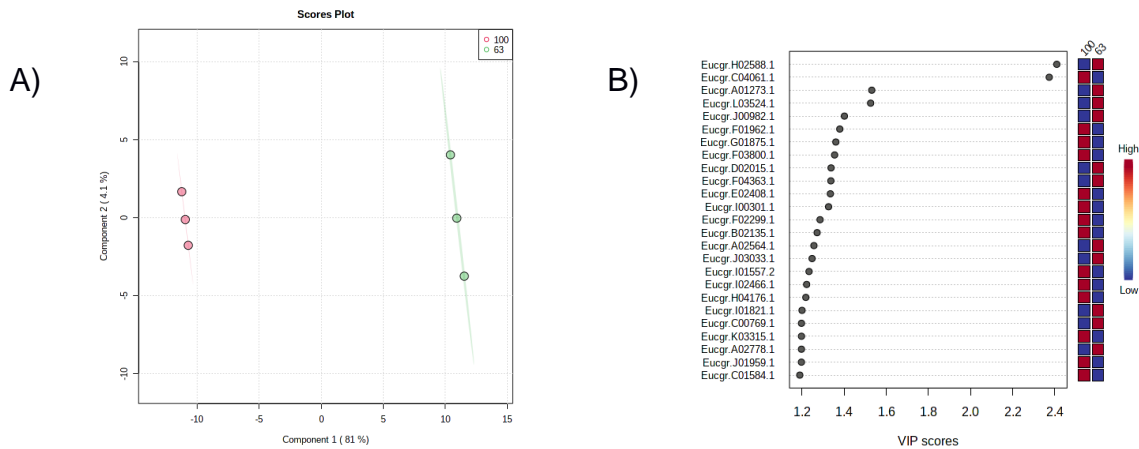


Figura 28: **A)** Gráfico PLS da comparação entre os genótipos Suscetível e Tolerante. O conjunto de dados obtidos para as repetições biológicas das plantas tolerante é representado pela cor vermelha; o das plantas suscetíveis é representado pela cor verde. Os principais parâmetros de validação da análise PLS-DA apresentaram Acurácia igual a 1,0, R^2 igual a 1,0 e Q^2 igual a 0,98. **B)** Gráfico VIP Scores para as 25 proteínas que mais contribuíram para a separação dos tratamentos, com maiores “VIP Scores”.

Tabela 11: Proteínas de medida de VIP Score para a comparação entre o genótipo Suscetível e o Tolerante de raiz. ID = identificação dentro da base de dados do *Phytozome*, VIPs = os scores da

Importância da Variável em Projeção, FC = Fold Change, razão entre as abundâncias das proteínas Controle e Estressado; $\log_2(\text{FC})$ = fold change logarítimo, C/E = razão entre as abundâncias das proteínas do genótipo Tolerante e Suscetível.

Nome	ID	VIPs	Fold Change	$\log_2(\text{FC})$	100/63
Probable nucleoredoxin 1	Eucgr.H02588.1	2.4094	8.8882E-11	-33.389	Down
ATPase 8, plasma membrane-type	Eucgr.C04061.1	2.3735	5570500000	32.375	Up
Uncharacterized protein At2g37660, chloroplastic	Eucgr.A01273.1	1.5312	0.00036467	-11.421	Down
Probable aldo-keto reductase 5	Eucgr.L03524.1	1.5258	0.00041771	-11.225	Down
ACT domain-containing protein ACR12	Eucgr.J00982.1	1.4014	0.0019033	-9.0372	Down
DNAJ heat shock N-terminal domain-containing protein	Eucgr.F01962.1	1.3793	367.29	8.5208	Up
Uncharacterized protein	Eucgr.G01875.1	1.3606	302.3	8.2398	Up
Aldehyde dehydrogenase family 3 member H1	Eucgr.F03800.1	1.3548	273.88	8.0974	Up
FAM10 family protein At4g22670	Eucgr.D02015.1	1.3379	0.0042911	-7.8644	Down
Aminoacylase, putative	Eucgr.F04363.1	1.337	0.0045204	-7.7893	Down
Urease accessory protein G	Eucgr.E02408.1	1.3347	220.61	7.7854	Up
26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 6 homolog	Eucgr.I00301.1	1.3261	196.03	7.615	Up
D-3-phosphoglycerate dehydrogenase 3, chloroplastic	Eucgr.F02299.1	1.2857	210.1	7.7149	Up
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP19-3	Eucgr.B02135.1	1.2717	105.14	6.7161	Up
ML domain-containing protein	Eucgr.A02564.1	1.2566	0.0077151	-7.0181	Down
Probable histone H2A variant 3	Eucgr.J03033.1	1.2479	0.0068844	-7.1825	Down
Ankyrin repeat domain-containing protein 2B	Eucgr.I01557.2	1.2333	146.37	7.1935	Up
Probable NAD(P)H dehydrogenase (quinone) FQR1-like 2	Eucgr.I02466.1	1.2221	61.55	5.9437	Up
Germin-like protein subfamily 1 member 7	Eucgr.H04176.1	1.2182	61.765	5.9487	Up
Aldehyde dehydrogenase family 2 member B4, mitochondrial	Eucgr.I01821.1	1.2001	0.017399	-5.8449	Down
Sucrose synthase 4	Eucgr.C00769.1	1.1975	0.01933	-5.693	Down
NADH dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein 2, mitochondrial	Eucgr.K03315.1	1.1975	49.629	5.6331	Up
Tripeptidyl-peptidase 2	Eucgr.A02778.1	1.1973	0.019703	-5.6654	Down
17.6 kDa class I heat shock protein 3	Eucgr.J01959.1	1.1972	50.332	5.6534	Up
La protein 1	Eucgr.C01584.1	1.1895	43.971	5.4585	Up

Para a análise univariada, de um total de 291 proteínas identificadas, 256 proteínas foram estatisticamente significativas em relação à abundância (p -valor $<0,05$) (Anexo 15). Com essas 256 proteínas foi feita uma rede de processos biológicos (Figura 29). Nessa figura, assim como ocorreu com o tecido foliar, temos uma rede mais complexa que as redes vistas para cada genótipo em separado. Nessa rede os GO termos com maior significância são àqueles relacionados aos compostos nitrogenados e aos processos metabólicos de peptídeos e amido, além de apresentar termos também significativos envolvidos na tradução, no processo de óxido redução, no processo metabólico de ácidos orgânicos e nos processos biossintéticos de peptídeos e amido.

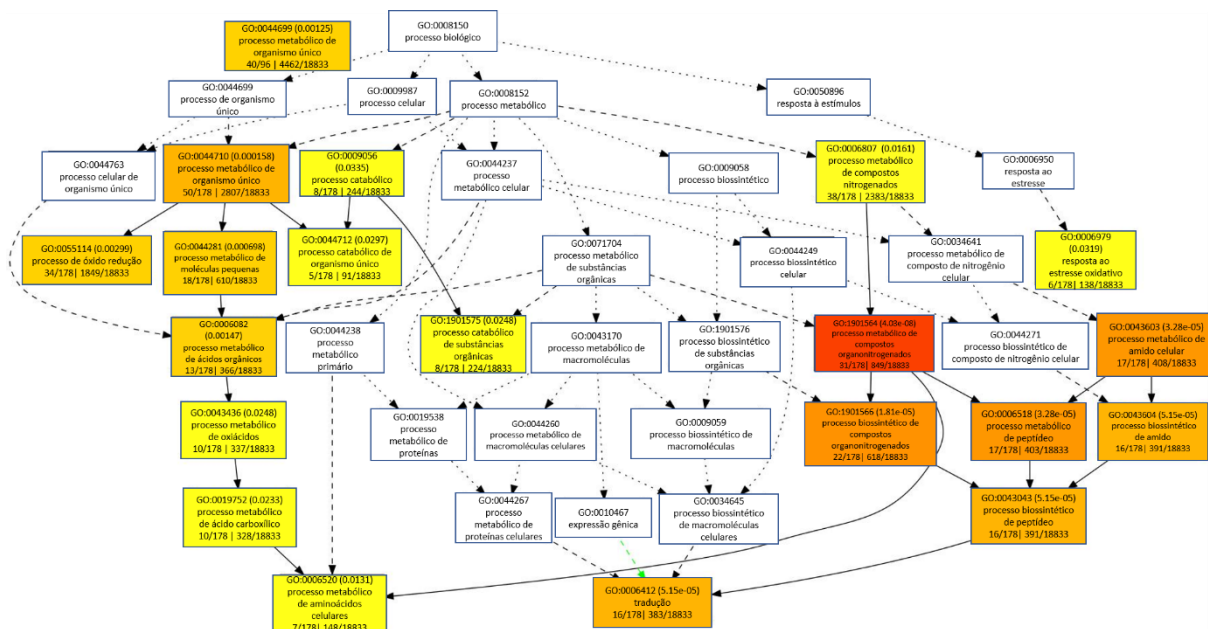


Figura 29: Rede de processos biológicos para raiz. Quanto mais escura a cor dos quadrados (nós) com os GO termos, maior o nível de significância destes.

6. Discussão

6.1. Medidas de Trocas Gasosas

A menor área foliar no genótipo Tolerante indica provavelmente que essas plantas extraíram menos água do substrato, conforme pode ser checado pela porcentagem de capacidade de campo na Tabela 5, e isso pode indicar que elas atrasaram os sintomas de seca por terem conservado mais água no substrato por mais tempo, podendo ser umas das primeiras modificações que essas plantas sofreram para tolerar o déficit hídrico. E o inverso pode ser considerado para o genótipo Suscetível, o qual apresentava área foliar visivelmente maior e, portanto, conservou menos água no solo.

Na análise de medidas de trocas gasosas para a taxa fotossintética e condutância estomática foi visto que os tratamentos sob estresse (ES e ET) apresentaram os menores valores, indicando que nessas plantas está ocorrendo o fechamento estomático. Tal fato é esperado uma vez que os genótipos se encontram sob estresse, e acaba por corroborar com as menores taxas fotossintéticas observadas, as quais podem estar sendo influenciadas pela limitação de entrada do CO₂. Bielsa et al., 2016 em um estudo com três diferentes genótipos de *Prunus*, mostraram que as plantas controles apresentaram altos valores para condutância estomática, enquanto as plantas sob estresse apresentaram baixos valores. E que os baixos valores de condutância estomática indicam que as trocas gasosas foram baixas, mostrando que os estômatos estão mais fechados do que nas plantas controle. Zhou et al., (2015^a) estudaram as diferenças fisiológicas e proteicas em dois genótipos de macieiras sob dois tratamentos contrastantes (bem irrigado e estresse moderado). Os autores viram que as plantas controle apresentaram maiores valores para taxa fotossintética, condutância estomática e taxa de transpiração, enquanto que as plantas sob estresse apresentaram os menores valores para esses três parâmetros, corroborando os resultados encontrados neste trabalho.

As respostas dos genótipos para taxa fotossintética e condutância estomática foram similares e isso é explicado por Whitehead & Beadle (2004), pois como as folhas

de plantas do gênero *Eucalyptus* apresentam alta capacidade de fixação de carbono, é natural a observação de fortes relações lineares entre a fotossíntese e a condutância estomática, e que o fechamento estomático devido ao estresse hídrico diminui a concentração intercelular de CO₂, limitando assim, a fotossíntese (Sánchez-Rodríguez et al., 2011).

Em relação a taxa de transpiração, as plantas bem irrigadas (CS e CT) apresentaram os maiores valores, e quando comparadas as plantas sob estresse hídrico, foi visto que àquelas do genótipo tolerante tiveram taxas de transpiração maiores do que as plantas do genótipo suscetível. No trabalho de Costa e Silva et al. (2004) os autores avaliaram clones de *Eucalyptus globulus* contrastantes em relação ao estresse hídrico e observaram que houve maior transpiração em ambos os clones sob condições de boa irrigação (controle). E sob condições de estresse hídrico, ambos os clones apresentaram menor transpiração, assim como observado no presente estudo.

6.2. Proteoma Foliar

As respostas das plantas a diversos estresses se dá por meio da integração e transmissão de informações do ambiente que são percebidas pelas raízes e folhas, sendo a sinalização bastante importante na sobrevivência de plantas vasculares (TAKAHASHI & SHINOZAKI 2019). E moléculas e eventos envolvidos na sinalização, como turgor, oscilação do cálcio e produção de fito hormônios, são importantes também em diversos processos quando sob estresse, sendo importantes para a adaptação das plantas (CHRISTMANN et al., 2013; CHOI et al., 2017; KUDLA et al., 2018). E o estresse hídrico leva além da inibição da fotossíntese, como visto no presente trabalho para as plantas suscetíveis, à disfunção metabólica e a danos nas membranas e proteínas das plantas (KRASENSKY & JONAK 2012). Trabalhos mostram que sob estresse hídrico, muitas das proteínas identificadas estão relacionadas ao processo fotossintético, à síntese e degradação proteica, ao metabolismo de nitrogênio e de carbono e à resposta ao estresse (DURAND et al., 2011; RODZIWIECZ et al., 2019; MARTINS et al., 2020). Dentre essas proteínas, encontram-se heat shock, ascorbato peroxidases, glutathione S-transferase, superóxido aldolase e glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase.

Neste trabalho também vimos que as plantas suscetíveis ao déficit hídrico sob esse estresse apresentaram abundância de proteínas envolvidas na resposta ao estresse, como a Alcohol dehydrogenase class-P (ADH1), induzida por peróxido de hidrogênio (H_2O_2) estando, portanto envolvida na resposta das plantas a estresses abióticos, já que o H_2O_2 atua na via de sinalização, necessária para a regulação de *heat shocks* (YANG 2014; PUCCIARIELLO et al. 2012); a L-ascorbate peroxidase T (TAPX), envolvida na remoção do peróxido de hidrogênio (H_2O_2) e no aumento na tolerância a diversos estresses abióticos (SINGH et al., 2014; GUAN et al., 2015; CAO et al., 2017); a Putative NADP-dependent e a Probable aldo-keto reductase (AKR) 3, ambas óxido redutases, isto é, enzimas que catalisam a transferência de elétrons de uma molécula a outra e estão envolvidas em diferentes funções, como a síntese e degradação de lignina e dobramento de proteínas (ERCILI-CURA et al., 2015); a 50S ribosomal protein L6 (RPL6), que interage com a proteína histona H2A em resposta a danos no DNA, sendo a RPL6 direcionada para esse sítio danificado do DNA, onde ela irá recrutar outras proteínas para a sua reparação (YANG et al., 2018a); a Phenylcoumaran benzylic ether reductase 1 (PCBER 1), envolvida na biossíntese de lignana, um metabólito secundário e, trabalhos mostram que metabólitos secundários estão envolvidos na defesa das plantas tanto contra estresses bióticos quanto abióticos, além de serem importantes para a integridade fisiológica das células (ATTOUMBRE et al. 2006; CHENG et al. 2013; SAGUEZ et al. 2013); e a Alpha/beta-Hydrolases superfamily protein (ABH), uma enzima com função peroxidase e na qual se ligam fito hormônios e receptores nas vias de sinalização de giberelina, estrigolactona e karrikin (KAGIYAMA et al., 2013; ZHAO et al., 2013; HEDDEN & THOMAS 2012).

Também foram obtidas proteínas abundantes envolvidas na síntese proteica, como a Eukaryotic initiation factor 4A-III homolog, faz parte da família DEAD box de proteínas e parece atuar fracamente, estimulado por outros fatores de iniciação, atuando como uma helicase de RNA, responsável por desenrolar a estrutura secundária na região 5' não traduzida de mRNAs eucarióticos, sendo essencial para o crescimento e desenvolvimento (BUSH et al., 2015; ANDREOU et al., 2017; SANTOSH RAMA BHADRA RAO et al., 2017; MONTERO et al., 2019); na síntese de ATP, como a ATP synthase subunit beta (Atp2 ou atpB), envolvida na hidrólise de ATP e catalisadora da síntese de ATP a partir de ADP e fosfato inorgânico, estando

presente nos tilacoides e no interior das membranas mitocondriais, e é essencial para a eficiência energética em plantas, sendo importante tanto para a biossíntese celular, como para o crescimento e desenvolvimento desses organismos (KOSOVÁ et al., 2013; LAPAILLE et al., 2010; MULKIDJANIAN et al., 2009); no aparato fotossintético, como a proteína TIC110, envolvida no aparato de importação de pré proteínas, sendo essencial para o desenvolvimento de plastídios (INABA et al., 2005); e na regulação de hormônios, como a SKP1-like protein 1B, que atua na regulação da resposta de auxina, etileno e de jasmonato, na sinalização de giberelina, na resposta de defesa, entre outras (GUO & ECKER 2003; XU et al., 2002; SASAKI et al., 2003; KIM & DELANEY, 2002; TAO et al., 2017), sendo que a auxina regula a plasticidade das raízes de plantas em diversos estresses abióticos, como a salinidade e o estresse hídrico (KORVER et al., 2018); a giberelina (GA) degrada um grupo de reguladores transcricionais chamados de proteínas DELLA, que restringem o crescimento da plantas sob estresses abióticos, e possuem um efeito positivo na tolerância ao estresse (COLEBROOK et al., 2014; ACHARD et al., 2008), além de atuar na abertura e fechamento estomático mediado pelo ácido abscísico (ABA) (NIR et al., 2017; SUKIRAN et al., 2020); e o jasmonato é um hormônio envolvido na sinalização da planta e induz a síntese de compostos de defesa sob diversos estresses bióticos e abióticos, como patógenos, estresse hídrico, baixa temperatura, entre outros, além de mitigar o estresse oxidativo através da ativação de compostos antioxidantes (YU et al., 2018).

Da mesma forma, na rede de interação proteína-proteína vimos muitas proteínas relacionadas à resposta ao estresse e ao estresse oxidativo. Como a Elongation factor 2 (LOS1/EF-2), envolvida na tolerância ao congelamento e na síntese proteica (GUO et al., 2002; SHI et al., 2019), e que interage com diversas proteínas como EIF4A-III, a actina ACT7, a ubiquitina UBQ6 e várias proteínas ribossomais, como RPL16A, RPL23AB, RPL24, EMB3126, emb2184, sendo muitas dessas proteínas envolvidas na resposta ao estresse e ao estresse oxidativo, indicando a ocorrência de síntese proteica nessas plantas suscetíveis, e mostrando que a LOS1, provavelmente, esteja atuando na tolerância dessas plantas ao déficit hídrico e ao estresse oxidativo por meio da síntese de proteínas responsivas, assim como visto em outros trabalhos. Enquanto que a proteína tAPX, uma ascorbato peroxidase, é importante tanto na remoção de ROS quanto na diminuição dos danos

causados por estresses abióticos, como o estresse oxidativo, a salinidade e a seca (CAO et al., 2017), e interage com a ribulose-5-phosphate-3-epimerase (RPE), a glutamine synthetase (GS2), superoxide dismutase [Cu-Zn] 2 (CSD2), APG1, glucose-1-phosphate adenyltransferase (APS1/APL1) e várias proteínas ribossomais, indicando a atuação dessa ascorbato peroxidase nessas plantas na remoção de espécies reativas de oxigênio, assim como, provavelmente influenciando a síntese de amido e aminoácidos, importantes em plantas sob estresse devido a maior demanda por energia e síntese proteica, já que ela interage com a RPE e GS2, proteínas envolvidas no metabolismo de carboidratos pelo ciclo de Calvin e na assimilação de amônio para produção de aminoácidos (ASHIHARA 2016; YAO et al., 2019), respectivamente.

As proteínas abundantes identificadas e aquelas presentes na rede de interação proteína-proteína, sugerem que para o genótipo Suscetível, devido, provavelmente, à maior absorção de água do substrato, às menores taxas de fotossíntese e de condutância estomática, indicando a ocorrência do fechamento dos estômatos, essas plantas além de apresentar muitas proteínas de resposta ao estresse e ao estresse oxidativo, estão também investindo na síntese proteica e em proteínas do aparato fotossintético, que sofrem danos oxidativos causados por ROS (LAWLOR & CORNIC 2002), podendo ser esse um dos motivos dos baixos valores para a taxa fotossintética nessas plantas. Além disso, há proteínas envolvidas no metabolismo de carboidratos e nitrogênio e na regulação de hormônios, o que sugere a busca por outras vias para a produção de energia, como a via glicolítica, já que há pouca atividade fotossintética nessas plantas, além de indicar a sinalização do déficit hídrico para a parte aérea e, possivelmente, para a regulação do movimento dos estômatos, ocasionando seu fechamento, evitando assim, a perda de água por transpiração, como foi visto nos resultados fisiológicos dessas plantas.

Para o genótipo Tolerante ao déficit hídrico também houve a presença em abundância de proteínas relacionadas à resposta ao estresse, como a Peptide methionine sulfoxide reductase B2 (MsrB2), envolvida no combate a diferentes estresses, incluindo o estresse hídrico, e na proteção das plantas contra danos oxidativos (LIU & WANG 2013; CHU et al., 2016), além de estar relacionada à regulação da sinalização celular (DOS SANTOS et al., 2018); a Nascent polypeptide-associated complex subunit alpha-like protein 2 (NACA2), fatores de transcrição

específicos de plantas, atuando no desenvolvimento das plantas, assim como na resposta a estresses bióticos e abióticos (NAKASHIMA et al., 2012), além desses fatores de transcrição estarem envolvidos na regulação da expressão gênica de genes relacionados a resposta à desidratação e regular a resposta ao estresse hídrico (NAKASHIMA et al., 2009; HUSSAIN et al., 2017; YANG et al., 2019; YUAN et al., 2019); a Metacaspase-4, tendo função de mediar a morte celular programada, estresses bióticos e abióticos, a resposta imune induzida por danos e resistência a ataques de patógenos (SUNDSTRÖM et al., 2009; WATANABE & LAM, 2011; HANDER et al., 2019; COLL et al., 2010), sendo ativada pelo aumento da concentração de Ca^{2+} no citosol quando sob estresse (HANDER et al., 2019; JIANG et al., 2019b; TIAN et al., 2019); e a Phosphoglucosamine mutase family protein, apesar de pouco caracterizada em plantas, parece estar envolvida na resposta a inundação e à seca e presentes em alfafa sob estresse salino (WANG et al., 2016b; WANG & KOMATSU 2018; YACOUBI et al., 2013). Indicando, provavelmente, a sinalização do déficit hídrico percebido pelas raízes à parte aérea dessas plantas, permitindo assim, uma resposta eficiente dessas plantas tolerantes ao déficit hídrico, permitindo assim, uma alta taxa de fotossíntese, uma vez que também houve abundância da Gamma carbonic anhydrase 1, que é uma anidrase carbônica.

As anidrases carbônicas (CAs) atuam na difusão de CO_2 (FLEXAS et al., 2012; CANO et al., 2019), e o estresse hídrico inibe a atividade de CA que, junto a Rubisco e a phosphoenolpyruvate carboxylase, é um limitante na assimilação fotossintética de CO_2 atmosférico (WANG et al., 2016c; BOYD et al., 2015; HAN et al., 2019). E na rede de interação proteína-proteína, há a Cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit PETC, uma proteína envolvida no aparato fotossintético e faz parte do complexo b6-f do citocromo, que catalisa o transporte de elétrons na etapa de limitação da taxa de fotossíntese oxigenada (MEHLING 2020), e que atua tanto no fluxo de elétrons linear entre o PSII e o PSI para produção de NADPH e ATP, quanto no fluxo cíclico através do PSI, gerando um gradiente de prótons transmembrana para a síntese de ATP, ambos para abastecer o ciclo de Calvin-Benson para a fixação de CO_2 (YAMORI et al., 2016). E que interage com a proteína ribossomal emb2394; com proteínas do fotossistema, a LHCA2, a PSBD, a AT5G07020; proteínas carreadoras de ATP/ADP, AAC2, AAC3; a proteína CaS, envolvida na concentração citoplasmática de Ca^{2+} (WEINL et al., 2008); e proteínas envolvidas na resposta ao estresse oxidativo, como

a AOR, que remove as carbonilas reativas, que inibem a fotossíntese e são geradas pelo estresse oxidativo e, cujo acúmulo afeta o metabolismo de carbono e de nitrogênio (YAMAUCHI et al., 2012; MUDALKAR et al., 2016; MANO et al., 2014; TAKAGI et al., 2016) e a MSD1, uma superóxido dismutase envolvida na remoção de espécies reativas de oxigênio. Sugerindo, assim como foi visto para os parâmetros fisiológicos e a análise multivariada, o bom funcionamento do processo fotossintético nessas plantas tolerantes, possibilitando uma alta atividade fotossintética mesmo sob déficit hídrico, sendo essa a principal diferença vista entre as plantas do genótipo Tolerante quando comparadas às do genótipo Suscetível para esse tecido, e que mostra que a resposta dessas plantas tanto ao déficit hídrico quanto ao estresse oxidativo está ocorrendo de forma eficiente.

6.3. Proteoma Caulinar

O caule é um tecido que possui diferentes funções que são importantes para a manutenção do crescimento e sobrevivência das plantas, como a translocação de assimilados para as raízes; transporte de água e carbono na forma de açúcares, sendo uma parte dissolvida no xilema e transportada por difusão por toda a planta; estoque de carboidratos; além da diferenciação celular do câmbio (STEPPE et al., 2015).

Em *Eucalyptus* poucos estudos utilizando a proteômica são feitos para o caule. Em resposta ao estresse ao frio foi visto em caule que proteínas do metabolismo relacionado à energia, como a fructose biphosphate aldolase, a glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase e a NADH-ubiquinone oxidoreductase, apresentaram abundância diminuída, assim como de proteínas envolvidas na transcrição gênica (transcription factor GT-2), divisão celular e alongação (cytochrome b5-like heme/steroid binding domain protein) (LEONARDI et al., 2015). Já para o crescimento secundário em *Populus* foi visto que a maior parte das proteínas diferencialmente abundantes no caule estão relacionadas ao metabolismo de carboidratos e energia (RuBisCO small and large subunits, RuBisCO activase), por aquelas envolvidas na degradação de proteínas (26S proteasome regulatory complex subunit), nos processos de óxido-redução (thioredoxin, monodehydroascorbate reductase (MDHAR), ascorbate peroxidase (APX), glutathione S-transferase (GST), Cu/Zn

superoxide dismutase (Cu/Zn-SOD)), no metabolismo de parede celular (CCoAOMT, COMT, Phenylcoumaran benzylic ether reductase (PBER), sucrose synthase) e por chaperonas (LIU et al., 2015; LI et al., 2017). Para a espécie de gramínea *Cynodon dactylon* (L). Pers., os autores encontraram em folhas e caules sob estresse hídrico proteínas como Cytochrome, RuBisCO, superoxide dismutase, phosphoenolpyruvate carboxylase, entre outras (SHI et al., 2014).

Neste trabalho vimos para o genótipo Suscetível a abundância de proteínas *heat shock* (Heat shock 70 kDa protein 10, Heat shock 70 kDa protein 5, e 17.6 kDa class I heat shock protein 3), já que uma das maneiras da planta responder a estresses abióticos é por meio da regulação das HSPs (UL HAQ et al., 2019). Essas proteínas são divididas em cinco famílias: HSP100, HSP90, HSP70, HSP60, e HSPs pequenas, funcionam como chaperonas e, assim como as espécies reativas de oxigênio (ROS), são induzidas pela resposta ao estresse ao calor (OHAMA et al. 2017). As *heat shock* pequenas estão relacionadas à memória da planta ao estresse, aumentando assim sua tolerância a um novo episódio de estresse (SEDAGHATMEHR et al., 2016). Enquanto a proteína Hsp70, além de ser a proteína *heat shock* mais abundante em eucariotos, é uma chaperona dependente de ATP e está envolvida em diversos processos celulares, como biossíntese de proteínas, proteção durante estresses bióticos e abióticos, degradação de proteínas não dobradas, facilitando o redobramento das proteínas, entre outros (RAY et al., 2016; WEBSTER et al., 2019). Diversos trabalhos mostram que essas proteínas estão envolvidas na tolerância a diferentes estresses abióticos como calor e seca (KOIZUMI et al., 2014; USMAN et al., 2015; AUGUSTINE et al., 2015).

Além dessas proteínas, foram observadas a abundância de proteínas envolvidas na síntese de lignina, como a Cinnamyl alcohol dehydrogenase (CAD) 4 e a Flavone 3'-O-methyltransferase 1, sendo que esta última também atua na metilação de compostos flavonoides (SUN et al., 2018), que são metabólitos secundários importantes por possuírem atividade antioxidante, além de estarem relacionados ao crescimento e desenvolvimento em plantas, e na defesa contra patógenos e estresses abióticos (SAMATHA et al., 2012; WINKEL-SHIRLEY, 2002; NASREEN et al., 2017). A lignina é um componente estrutural das paredes celulares secundárias e, portanto, confere um suporte mecânico às plantas, além de ser responsável por um dos maiores gastos energéticos em uma planta (MALAVASI et al., 2016). E é um dos metabólitos

secundários mais importante, e está relacionada com o crescimento e desenvolvimento das plantas (LIU et al., 2018). Esse metabólito também atua na resistência e resposta da planta a diversos estresses ambientais (TRIPATHI et al., 2003; MOURA et al., 2010). E essa abundância de proteínas responsivas e envolvidas na síntese de lignina explicam a abundância da Pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit alpha 2, uma fosfofrutoquinase envolvida na via glicolítica, já que sob estresse as plantas demandam mais energia para conseguir se aclimatar, como visto em outros trabalhos (KOSOVÁ et al., 2013; HAN et al., 2013a), além desse genótipo apresentar baixa taxa fotossintética, necessitando usar outras vias para obter energia para a manutenção dos processos metabólicos.

Houve também a abundância de proteínas relacionadas à parede celular por meio da síntese actina, como a Beta-D-xylosidase 4 (BXL4) e a LIM domain-containing protein WLIM2b, e envolvida na síntese de lisina (Beta-D-xylosidase 4 (BXL4)), um aminoácido essencial formado a partir da via do aspartato, e a mudança no metabolismo da lisina pode afetar outros aminoácidos da mesma via (YANG et al., 2018b). Em plantas foi visto que a lisina afeta a síntese de amido em arroz (LIU et al., 2016) e o aumento excessivo de lisina afeta outras vias metabólicas, podendo afetar o crescimento e desenvolvimento de plantas (YANG et al., 2020), além de aumentar os níveis de glicina, um metabólito intermediário durante a fotorrespiração (SCHULZE et al., 2016), e diminuir a expressão de genes relacionados à fotossíntese e à fotorrespiração em *Arabidopsis* (ANGELOVICI et al., 2011). A lisina ainda está associada a resposta a diferentes tipos de estresses em plantas. Ela é catabolizada pela via saccharopine, que está envolvida na resposta a estresses bióticos e abióticos (BERNSDORFF et al., 2016; ARRUDA & BARRETO 2020). A abundância dessas proteínas sugere o investimento no crescimento dessas plantas, uma vez que sob estresses abióticos, incluindo o déficit hídrico, esse crescimento cessa, primeiro na parte aérea e posteriormente nas raízes (SKIRY CZ & INZE, 2010). No entanto, alto níveis de ROS durante um estresse prolongado, faz com que se formem radicais OH° , levando à clivagem do polímero da parede celular e, junto com enzimas modificadoras do xiloglucano e expansinas, resulta no afrouxamento da parede celular, o que permite um maior crescimento dos órgãos estressados (TENHAKEN 2015). Indicando que, devido a menor capacidade em responder ao déficit hídrico, o estresse oxidativo levou

a um excesso de espécies reativas de oxigênio, fazendo com que ocorresse o afrouxamento da parede celular para que essas plantas consigam crescer e, assim, responder melhor a esse estresse.

Diferente da análise multivariada, pela rede de interação proteína-proteína, proteínas envolvidas na fotorrespiração e na fotossíntese, como a SHM1 (Mitochondrial serine hydroxymethyltransferase (SHMT)) e a Rubisco activase (RCA) estão interagindo com proteínas também envolvidas no processo fotossintético como a GAMMACA1 e a RBCS3B, além de chaperonas, como a CPN60A e a HSP90.1, esta também envolvida na resposta a estresses abióticos, e outras proteínas envolvidas na resposta ao estresse como a ascorbate peroxidase (APX3). A fotossíntese caulinar ocorre em algumas espécies de árvores, que podem ter poucos ou nenhum estômato na epiderme, já que usam principalmente o CO₂ interno (GARTNER 1995), além de alguns carboidratos produzidos serem utilizados na reparação do xilema, sendo a fotossíntese importante para a manutenção do sistema de transporte de água nessas plantas (CERNUSAK & CHEESMAN, 2015; BLOEMEN et al., 2016). Diferentes trabalhos mostram inclusive a importância da fotossíntese no tecido caulinar em plantas sob algum grau de estresse à seca, tanto por aumentar o balanço de carbono nesse tecido como por ser uma via de escape sob estresse hídrico moderado, em que ocorre a diminuição da condutância estomática e, conseqüentemente da atividade fotossintética nas folhas (PFANZ et al. 2002; ASCHAN & PFANZ 2003; WITTMANN & PFANZ 2008), além de contribuir para a resiliência das plantas sob estresse hídrico, já que diferente das folhas, que convertem o CO₂ atmosférico em carboidratos, a fotossíntese no caule depende do CO₂ respirado endogenamente para a síntese do açúcar, sendo portanto, menos vulnerável à desidratação do tecido em condições de seca (WITTMANN & PFANZ 2008). Além disso, plantas sob estresse hídrico apresentaram uma queda mais rápida da taxa de fotossíntese foliar quando o tecido caulinar foi impedido de fazer fotossíntese pela falta de luz (BLOEMEN et al., 2016). Essas interações mostram que devido à baixa taxa fotossintética foliar dessas plantas suscetíveis e a maior demanda por energia devido ao déficit hídrico, uma das vias utilizada para obtenção de energia, além da via glicolítica vista pela análise multivariada, está sendo por meio da atividade fotossintética caulinar, e como já visto em outros trabalhos, algumas espécies de eucalipto possuem essa capacidade (CHEN et al., 2018), e explica a presença de proteínas de remoção de ROS, uma vez

que a produção dessas moléculas está relacionada principalmente aos processos de fotossíntese e respiração.

Enquanto que para o genótipo Tolerante houve abundância da NADPH-dependent alkenal/one oxidoreductase (AOR), envolvida na remoção de carbonilas reativas (CAs) que causam a inibição da fotossíntese e são geradas pela ação de espécies reativas de oxigênio (YAMAUCHI et al., 2012; MANO et al., 2019), além de seu acúmulo afetar os metabolismos de carbono e nitrogênio (MANO et al., 2014; TAKAGI et al., 2016), indicando que nessas plantas essa resposta às CAs está sendo eficiente, uma vez que não houve inibição da atividade fotossintética e, pelo que foi visto na rede de processos biológicos no tecido foliar, os metabolismos de carbono e nitrogênio também não foram afetados. A 2-isopropylmalate synthase (IPMS), envolvida na via de biossíntese de leucina (YOSHIDA et al. 2018), um aminoácido que faz parte do domínio leucine-rich repeats (LRR), sendo este o maior grupo de receptor-like kinases (RLKs), as leucine-rich repeats receptor-like protein kinase (LRR-RLK), atuando em vários processos em plantas, como crescimento e desenvolvimento (AGUSTI et al., 2011) e em resposta a estresses bióticos e abióticos (SANTOS et al., 2010; AFZAL et al., 2008).

Outra proteína abundante foi a MLP-like protein 423, um fito hormônio envolvido na via de ativação do ácido abscísico, sendo importante para o crescimento e desenvolvimento das plantas como também um mediador de respostas aos estresses ambientais (SREENIVASULU et al., 2012; LIU et al., 2020), aumentando sob condições de estresse hídrico ou salino, e estimulando assim, o fechamento dos estômatos, mudanças na expressão gênica, e respostas fisiológicas adaptativas (SHINOZAKI & YAMAGUCHISHINOZAKI, 2007; CUTLER et al., 2010), por isso, também é chamado de hormônio do estresse, além de estar relacionado ao teor de flavonoides (CHEN & DAI 2010), um metabólito secundário com função antioxidante. E junto com a ALWAYS EARLY 4 (ALY4), que participa de respostas como o fechamento de estômatos, morte celular e expressão gênica relacionada a defesa (TENG et al., 2014), são as principais diferenças encontradas nessas plantas em relação às suscetíveis para essa análise multivariada, sugerindo novamente que a sinalização do déficit hídrico por meio do ABA ocorre de maneira eficiente, permitindo uma melhor resposta dessas plantas nos diferentes órgãos. Também houve

abundância da proteína Flavone 3'-O-methyltransferase 1, envolvida na metilação de compostos flavonoides e também na via metabólica da lignina (SUN et al., 2018), e de proteínas relacionadas à produção de ATP como a Cytochrome c-2, no complexo respiratório, e a Probable enoyl-CoA hydratase 1 (ECH1), através do ciclo de beta-oxidação.

A rede de interação proteína-proteína, além de apresentar resultado similar ao visto pela análise multivariada, se mostra distinto do visto para as plantas suscetíveis, uma vez que as proteínas HSP70b e HSP90.1, envolvidas na resposta a estresses abióticos, além de atuarem na biossíntese proteica e na maturação de fatores de transcrição, respectivamente, estão interagindo com muitas proteínas relacionadas a resposta ao estresse e/ou ao estresse oxidativo como a HSP21 e outras proteínas chaperonas (ATHSP22.0, AT1G53540, AT3G60210, AT1G07400), a ascorbate peroxidase (APX2), a imunofilina ROC2, com proteínas envolvidas no complexo respiratório como a Cytochrome c-2 (CYTC-2), entre outras, indicando que a provável atuação dessas *heat shock* na resposta dessas plantas ao déficit hídrico se dê pela regulação proteica de outras proteínas responsivas, podendo ser um dos diferenciais para a tolerância dessas plantas, já que a presença de proteínas responsivas leva ao acúmulo de chaperonas e de proteínas que atuam como chaperonas (DEMIREVSKA et al., 2008b, XOCONOSTLE-CÁZARES et al., 2011), além de fatores de transcrição serem importantes na sinalização de estresses bióticos e abióticos (ALI et al., 2016).

6.4. Proteoma Radicular

Em plantas, as raízes são bastante importantes na dinâmica de água, solutos e espécies gasosas no solo em as propriedades deste, sendo essa interação planta-solo essencial quando para a produtividade da planta quando há pouca água e nutrientes disponíveis (LYNCH 2007; PIERRET et al. 2007; HINSINGER et al. 2009), já que a arquitetura do sistema radicular controla a obtenção de água e nutrientes (GÉRARD et al., 2017). Devido ao contato direto com o solo, as raízes são o primeiro órgão da planta a sentir o estresse hídrico, e uma de suas funções é a síntese de ácido abscísico (ABA), responsável junto a giberelina por sinalizar o estresse das raízes à parte aérea por meio do xilema, modulando a condutância estomática e o uso

eficiente de água (HARTUNG et al., 2002; GAION et al., 2018), além de controlar a abertura e fechamento dos estômatos e o crescimento de folhas (ZHANG et al., 2006).

Trabalhos de proteômica com raízes de eucalipto e de amora mostram que sob estresse hídrico houve a presença de proteínas relacionadas a processos celulares, como *heat shocks* e proteínas envolvidas na regulação pós transcricional; ao metabolismo de carboidratos e de amido e açúcar, como a beta-fructofuranosidase, raffinose synthase e α -galactosidases; além de actinas; adenosine kinase; proteínas relacionadas à homeostase iônica e ao transporte de água, como Ca²⁺ binding protein e aquaporin (AQP); e proteínas relacionadas ao metabolismo energético, como ATPases; a hormônios, como ABA receptor e 1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase, envolvida na síntese de etileno; e ao estresse, como Glutathione S-transferases (GSTs), peroxidases (BEDON et al., 2011; 2012; LIU et al., 2019).

No presente trabalho, para o genótipo Suscetível foi vista a abundância de proteínas envolvidas na resposta ao estresse oxidativo e ao movimento dos estômatos como a proteína NADP-dependent malic enzyme 4, que catalisa a descarboxilação oxidativa do malato para gerar piruvato, CO₂ e NADPH (ARIAS et al., 2018). Além de NADP-ME fornecer redutor equivalente na forma de NADPH em processos biossintéticos, como crescimento, proliferação e desintoxicação celular, sendo o NADPH o poder redutor para a síntese de compostos de defesa, como flavonoides e lignina (SAIGO et al., 2013; CHEN et al., 2019). E ainda atua na regulação do pH, movimento estomático, tolerância ao alumínio, e sinalização na resposta a estresses (SANTELIA & LAWSON 2016; IGAMBERDIEV & BYKOVA 2018; ZHAO et al., 2018b). Há também a Probable nucleoredoxin 1 e a ACT domain-containing protein ACR12, envolvidas respectivamente, na proteção aos danos causados pelo estresse oxidativo e na regulação de ROS e do ácido salicílico (SA), modulando, portanto, as respostas de defesa associadas ao SA. E a proteína Uncharacterized protein At2g37660 envolvida na sinalização raiz parte aérea, é uma 3- β -hydroxysteroid dehydrogenase/isomerase envolvida na síntese de brassinosteroides (SHI et al., 2015), que são fito hormônios e correspondem a uma categoria de esteroides lactona/cetonas naturais (BAJGUZ 2011), sendo essenciais para o desenvolvimento das plantas. Esses fito hormônios não podem ser transportados por longas distâncias entre a raiz e o caule ou de um órgão a outro no caule, mas alteram o sistema de

transporte de auxinas, desempenhando papel indireto na sinalização de longa distância em plantas (SIDDIQUI et al., 2018; SYMONS et al. 2008). Indicando a atuação das raízes, como visto em outros trabalhos, na sinalização do déficit hídrico e no fechamento dos estômatos, além de estar respondendo ao estresse oxidativo causado pelo déficit hídrico.

Há também a abundância de proteínas envolvidas na resposta ao estresse, como a Glutathione S-transferase F9, induzida como resposta a espécies reativas de oxigênio (ROS), como o peróxido de hidrogênio (H_2O_2); resposta a hormônios, à desidratação, entre outros (MARRS, 1996; DIXON et al., 1998; SCHRÖDER et al., 2007), e as anexinas, Annexin D8 (ANN8) e Annexin D2 (ANN2), que atuam na secreção, mediada pelo Golgi, de compostos da parede celular e da membrana plasmática durante o crescimento e desenvolvimento do organismo, além de estarem relacionadas a tolerância a diversos estresses abióticos (CANTERO et al., 2006; LIAO et al., 2017; IJAZ et al., 2017; LI et al., 2019b); envolvidas à reparação do DNA, como a Cell division control protein 48 homolog E (CDC48), que possui atividade ATPase e está envolvida em inúmeros processos, como o controle do ciclo celular, a proliferação celular e reparação do DNA (BAEK et al., 2013), já que o estresse oxidativo causa danos oxidativos nas moléculas de DNA, RNA, proteínas e membranas das plantas, provavelmente atuando dessa forma nessas plantas suscetíveis.

E assim como visto para o tecido foliar e para a análise multivariada de raiz, na rede de interação proteína-proteína, vemos que as proteínas Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit E (EIF3E) e Elongation fator 2 (LOS1), estão envolvidas no crescimento (Wang et al., 2016) e no desenvolvimento das plantas (RAABE et al., 2019), por meio da regulação da tradução (VALÁŠEK 2012; RAABE 2018); e na síntese proteica (GUO et al., 2002), na tolerância ao frio (SHI et al., 2019) e no ritmo circadiano (CASTER et al., 2016), respectivamente, e estão interagindo com proteínas ribossomais como a RS27A, EMB3010, PGY2, AT1G74050, AT3G53430, AT3G09630, AT4G34670, AT4G29410, AT5G24510 e a AT3G02560, que são essenciais para o desenvolvimento normal das plantas, sendo que a falta de genes ribossomais afeta o crescimento, o teor de pigmentação nas folhas e a fotossíntese (YAO et al., 2008; TILLER et al., 2012; ROMANI et al., 2012); e com proteínas reguladoras e envolvidas na síntese proteica como a Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit F (EIF2), a Basic transcription factor 3 (BTF3) e a 26S proteasome

non-ATPase regulatory subunit 14 (AT5G23540), esta última atuando na degradação de proteínas (FINLEY et al., 2012; SAMANT et al., 2018), sendo controlada por receptores de ubiquitina (SHI et al., 2016; SAEKI, 2017). Indicando a abundância das proteínas EIF3E e LOS1, e o papel destas tanto na resposta ao déficit hídrico por meio da síntese e regulação de proteínas responsivas. E apesar da abundância de todas essas proteínas de resposta e de regulação hormonal e a presença de interações proteicas envolvidas na síntese e regulação de proteínas nas raízes, essas plantas não conseguem responder eficientemente ao déficit hídrico, apresentando maior nível de ROS, e assim como foi visto para o caule, esse maior nível pode ter levado ao afrouxamento da parede celular, permitindo assim o crescimento dessas plantas, na tentativa de responder melhor ao estresse e com isso, conseguir se aclimatar.

Já para o genótipo Tolerante, houve a abundância de proteínas envolvidas na resposta e tolerância a estresses como a Probable aldo-keto reductase 4 (AKR4), relacionada à síntese e degradação de lignina (ERCILI-CURA et al., 2015); a Disease resistance protein (TIR-NBS-LRR class) Family, com papel na resistência das plantas contra estresses abióticos e, principalmente, bióticos (CHINI et al., 2004; YE et al., 2019; SONG et al., 2019a; VAZ BISNETA & GONÇALVES-VIDIGAL 2020); a Basic endochitinase B, sendo as quitinases envolvidas no crescimento e desenvolvimento e na resposta a estresses abióticos, incluindo a seca (WU et al., 2017; CAO & TAN 2019); e a Aldehyde dehydrogenase family 3 member H1 (ALDH3H1), envolvida na resposta a estresses bióticos e abióticos, e conferindo tolerância à desidratação e ao estresse salino (STITI et al., 2011; STITI et al., 2020; KOTCHONI et al., 2006; MISSIHOUN et al., 2012). A abundância de proteínas de resposta e proteção ao estresse e de proteínas relacionadas ao metabolismo de energia, sugerem a possibilidade dessas proteínas estarem interagindo ou sendo influenciadas umas pelas outras, já que a proteína Probable 2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase 2 (iPGAM) é essencial para a glicólise e gliconeogênese, processos esses importantes durante o desenvolvimento da planta e nas respostas ao estresse (O'LEARY et al., 2020), além de estar envolvida na regulação do movimento estomático, por o funcionamento das células guarda (ZHAO & ASSMANN 2011). E junto à abundância das proteínas ATPase 8 e Urease accessory protein G (UreG), envolvidas respectivamente, no crescimento e arquitetura de raízes

(MŁODZIŃSKA et al. 2015) e na ativação da urease, que catalisa a conversão de ureia em amônia, permitindo à planta utilizar diferentes fontes de nitrogênio (WITTE & MEDINA-ESCOBAR 2001; MYRACH et al., 2017), podendo dessa forma, estar relacionada à uma maior eficiência do uso do nitrogênio. Assim, essas três proteínas (iPGAM, ATPase 8 e UreG) são as principais diferenças dessas plantas tolerantes em relação às suscetíveis, pois elas podem estar permitindo um melhor crescimento e arquitetura de raízes, fazendo com que a sinalização do déficit hídrico à parte aérea ocorra mais eficientemente, permitindo assim um melhor controle do movimento estomático e, junto a possível maior eficiência do uso do nitrogênio, estão possibilitando uma melhor resposta dessas plantas ao estresse.

Assim como visto para o genótipo suscetível, na rede de interação proteína-proteína, a proteína ribossomal RPL23AB, foi observada no trabalho de Moin et al., 2017, que sob estresse hídrico os genes RPL apresentaram expressão diferencial em folhas e raízes, respondendo positivamente ao estresse, além dessas plantas terem apresentado uma alta atividade fotossintética, sendo similar ao que foi encontrada no presente trabalho, já que as plantas do genótipo Tolerante, segundo os resultados fisiológicos, apresentaram uma alta taxa de fotossíntese mesmo sob déficit hídrico. Essa proteína está interagindo com a HSP90.1, que atua na resposta a estresses abióticos e na maturação de fatores de transcrição (BIEBL & BUCHNER 2019; TICHÁ et al., 2020; SAMAKOVLI et al., 2020a,b; PUTARJUNAN et al., 2020), com proteínas ribossomais como a RPSAb, EMB3010, AT3G57490, AT5G09500, emb2171, AT1G34030.1, AT5G22440, AT3G05560, AT4G29410, AT3G09630, com proteínas envolvidas no controle pós-transcricional e na regulação da síntese proteica, como as RNA-binding AT4G25740, Y14 e La1, as translation initiation factor TIF3B1 e EIF2B, a Elongation fator (AT1G07920), a DNA-directed RNA polymerases II, IV and V subunit 3 (NRPB3) e a NACA2, também envolvida na resposta ao estresse; e com a Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP19-3 (ROC2), uma imunofilina envolvida nas respostas a diferentes estresses abióticos e bióticos (SEKHAR et al., 2010; MEIRI et al., 2010; KUMARI et al., 2013; KARALI et al., 2012; BISSOLI et al., 2012). Indicando que, assim como no trabalho de Moin et al., 2017, nessas plantas tolerantes, a proteína RPL23AB está sendo altamente produzida para responder ao estresse oxidativo e ao déficit hídrico, além de poder estar influenciando a produção de outras proteínas responsivas como a *heat shock* e a ROC2.

7. Conclusão

Conclui-se que por meio das medidas de trocas gasosas e das análises de proteômica quantitativa foi possível fazer a diferenciação dos genótipos contrastantes, sendo um suscetível e um tolerante.

Para as medidas de trocas gasosas, as respostas dos genótipos para taxa fotossintética e condutância estomática foram similares, sendo maiores sempre no genótipo Tolerante. Isso é explicado pelo fato de o genótipo Tolerante possuir mecanismos para superar o déficit hídrico e, dessa forma, continuar crescendo e produzindo. Para taxa de transpiração os valores para o genótipo Tolerante também foram superiores do que para o Suscetível. Para os três parâmetros fisiológicos analisados nesse trabalho os valores encontrados para as plantas Controle sempre apresentaram valores maiores do que para o Estressado, o que é de se esperar já que as plantas controle estão sob condições normais de irrigação, enquanto que as plantas estressadas estão sob déficit hídrico.

Para a proteômica foliar vimos que as principais diferenças entre os genótipos Suscetível e Tolerante foram a presença de proteínas relacionadas ao processo fotossintético e à regulação do movimento dos estômatos nas plantas tolerantes. Para o caule além de proteínas envolvidas também na regulação estomática, houve a presença de proteínas relacionadas à regulação e síntese proteica nas plantas tolerantes ao déficit hídrico. Enquanto para a raiz, obtivemos proteínas envolvidas na regulação do movimento estomático, na produção de energia, no crescimento e arquitetura de raízes e no metabolismo de nitrogênio, por meio da absorção de diferentes fontes desse nutriente, permitindo provavelmente uma maior eficiência do uso do nitrogênio, que junto a uma maior eficiência do uso da água possibilita a aclimatação das plantas ao estresse hídrico.

Dessa forma, as plantas do genótipo Tolerante, devido a uma provável mudança no crescimento e arquitetura de suas raízes, permitindo assim uma melhor sinalização do déficit hídrico da raiz à parte aérea, fez com que cada órgão respondesse eficientemente a esse estresse e, conseqüentemente, possibilitou um melhor controle do movimento dos estômatos e, portanto, uma maior atividade

fotossintética mesmo sob déficit hídrico, fazendo dessas plantas tolerantes a esse estresse quando comparadas ao genótipo Suscetível.

Portanto, este trabalho permitiu obter um panorama do proteoma das plantas de eucalipto sob déficit hídrico, identificando os diferentes perfis proteicos para cada tecido, e também as interações que as proteínas de resposta ao estresse possuem nessas condições, nos diferentes tecidos, servindo como base para futuros estudos sobre essas vias de respostas.

Referências

- Achard, P., Renou, J.-P., Berthomé, R., Harberd, N. P. and Genschik, P. (2008). Plant DELLAs restrain growth and promote survival of adversity by reducing the levels of reactive oxygen species. *Curr. Biol.* 18, 656-660.
- Aebersold, R.H.; Mann, M. (2003). Mass spectrometry-based proteomics. *Nature*, v. 422, n. 6928, p. 198-207.
- Afzal, A. J., Wood, A. J., & Lightfoot, D. A. (2008). Plant receptor-like serine threonine kinases: roles in signaling and plant defense. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 21(5), 507-517.
- He, Y., Cheng, J., He, Y., Yang, B., Cheng, Y., Yang, C., ... & Wang, Z. (2019). Influence of isopropylmalate synthase Os IPMS 1 on seed vigour associated with amino acid and energy metabolism in rice. *Plant biotechnology journal*, 17(2), 322-337.
- AgriGO v2.0: Tian Tian, Yue Liu, Hengyu Yan, Qi You, Xin Yi, Zhou Du, Wenying Xu, Zhen Su; agriGO v2.0: a GO analysis toolkit for the agricultural community, 2017 update. *Nucleic Acids Res* 2017 gkx382. doi: 10.1093/nar/gkx382.
- Agusti J, Lichtenberger R, Schwarz M, Nehlin L, Greb T. (2011). Characterization of transcriptome remodeling during cambium formation identifies MOL1 and RUL1 as opposing regulators of secondary growth. *PLoS Genet.*7(2):e1001312.
- Agusti, J.; Merelo, P.; Cercos, M.; Tadeo, F.R.; Talon, M. (2008). Ethylene-induced differential gene expression during abscission of citrus leaves. *J. Exp. Bot.* 59, 2717–2733.
- Ahmed, I., Yadav, D., Shukla, P., Vineeth, T. V., Sharma, P. C., & Kirti, P. B. (2017). Constitutive expression of Brassica juncea annexin, AnnBj2 confers salt tolerance and glucose and ABA insensitivity in mustard transgenic plants. *Plant science : an international journal of experimental plant biology*, 265, 12–28. <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2017.09.010>
- Ahuja, J. S., Sandhu, R., Mainpal, R., Lawson, C., Henley, H., Hunt, P. A., ... & Börner, G. V. (2017). Control of meiotic pairing and recombination by chromosomally tethered 26S proteasome. *Science*, 355(6323), 408-411. doi: 10.1126/science.aaf4778.
- Alfieri, L., Dottori, F., Betts, R., Salamon, P., & Feyen, L. (2018). Multi-model projections of river flood risk in Europe under global warming. *Climate*, 6(1), 6.
- Ali, M. U., Ur Rahman, M. S., Jia, Z., & Jiang, C. (2017). Eukaryotic translation initiation factors and cancer. *Tumor Biology*, 39(6), 1010428317709805.
- Analín, B., Mohanan, A., Bakka, K., & Challabathula, D. (2020). Cytochrome oxidase and alternative oxidase pathways of mitochondrial electron transport chain are important for the photosynthetic performance of pea plants under salinity stress conditions. *Plant Physiology and Biochemistry*.
- Anderson, N.G.; Anderson, N.L. (1996). Twenty years of two-dimensional electrophoresis: past, presente and future. *Electrophoresis*, v. 17, p. 443-453. Issue 3.
- Andreou, A.Z., Harms, U., Klostermeier, D. (2017). eIF4B stimulates eIF4A ATPase and unwinding activities by direct interaction through its 7-repeats region. *RNA Biol.* 14(1):113-123.
- Andreou, A.Z., Klostermeier, D. (2013). The DEAD-box helicase eIF4A: paradigm or the odd one out? *RNA Biol.* 10(1):19-32.
- Angelovici, R., Fait, A., Fernie, A. R., & Galili, G. (2011). A seed high-lysine trait is negatively associated with the TCA cycle and slows down Arabidopsis seed germination. *New Phytologist*, 189(1), 148-159.
- Anguera MC, Suh JR, Ghandour H, Nasrallah IM, Selhub J, Stover PJ (2003). Methenyltetrahydrofolate synthetase regulates folate turnover and accumulation. *J Biol Chem* 278:29856–29862

- Antosz, W., Pfab, A., Ehrnsberger, H. F., Holzinger, P., Köllen, K., Mortensen, S. A., Bruckmann, A., Schubert, T., Längst, G., Griesenbeck, J., Schubert, V., Grasser, M., & Grasser, K. D. (2017). The Composition of the Arabidopsis RNA Polymerase II Transcript Elongation Complex Reveals the Interplay between Elongation and mRNA Processing Factors. *The Plant cell*, 29(4), 854–870. <https://doi.org/10.1105/tpc.16.00735>
- Anuário Climático Do Brasil – 2019, Ramos, A. M., Alves, L., Marengo, J. A., Diniz, F. A. Ano 02 – Número 02, 2020
- Arend, M.; Fromm, J. Seasonal change in the drought response of wood cell development in poplar. *Tree Physiol.* Jul;27(7):985-92. PubMed PMID: 17403651. (2007).
- Arias, C. L., Pavlovic, T., Torcolese, G., Badia, M. B., Gismondi, M., Maurino, V. G., Andreo, C. S., Drincovich, M. F., Gerrard Wheeler, M. C., & Saigo, M. (2018). NADP-Dependent Malic Enzyme 1 Participates in the Abscisic Acid Response in Arabidopsis thaliana. *Frontiers in plant science*, 9, 1637. <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.01637>
- Arranz, R., Martín-Benito, J., & Valpuesta, J. M. (2018). Structure and Function of the Cochaperone Prefoldin. In *Prefoldins: the new chaperones* (pp. 119-131). Springer, Cham.
- Arruda, P., & Barreto, P. P. (2020). Lysine catabolism through the saccharopine pathway: enzymes and intermediates involved in plant responses to abiotic and biotic stress. *Frontiers in Plant Science*, 11, 587.
- Ashihara H. (2016). Biosynthesis of 5-phosphoribosyl-1-pyrophosphate in plants: a review. *Eur Chem Bull*5:314–323.
- Atkinson N, Leitão N, Orr DJ, et al (2017). Rubisco small subunits from the unicellular green alga Chlamydomonas complement Rubisco-deficient mutants of Arabidopsis. *New Phytol* 214:655–667.
- Attoumbre, J., Hano, C., Mesnard, F., Lamblin, F., Bensaddek, L., Raynaud-Le Grandic, S., Laine, É., Fliniaux, M. A., Baltora-Rosset, S. (2006). Identification by NMR and accumulation of a neolignan, the dehydrodiconiferyl alcohol-4-β-d-glucoside, in *Linum usitatissimum* cell cultures. *Comptes Rendus Chimie*, 9(3-4), 420-425. doi:10.1016/j.crci.2005.06.012
- Augustine, S. M., Narayan, J. A., Syamaladevi, D. P., Appunu, C., Chakravarthi, M., Ravichandran, V., & Subramonian, N. (2015). *Erianthus arundinaceus* HSP70 (EaHSP70) overexpression increases drought and salinity tolerance in sugarcane (*Saccharum* spp. hybrid). *Plant Science*, 232, 23-34.
- Aumüller, T., Jahreis, G., Fischer, G., & Schiene-Fischer, C. (2010). Role of prolyl cis/trans isomers in cyclophilin-assisted *Pseudomonas syringae* AvrRpt2 protease activation. *Biochemistry*, 49(5), 1042-1052. doi: 10.1021/bi901813e.
- Baek, G. H., Cheng, H., Choe, V., Bao, X., Shao, J., Luo, S., & Rao, H. (2013). Cdc48: a swiss army knife of cell biology. *Journal of amino acids*, 2013, 183421. <https://doi.org/10.1155/2013/183421>
- Bagniewska-Zadworna, A., Barakat, A., Łakomy, P., Smoliński, D. J., & Zadworny, M. (2014). Lignin and lignans in plant defence: insight from expression profiling of cinnamyl alcohol dehydrogenase genes during development and following fungal infection in *Populus*. *Plant Science*, 229, 111-121.
- Bajguz, A. (2011). Brassinosteroids: A class of plant hormone. by S. Hayat and A. Ahmad, Springer, 1-27.
- Balsera, M., Goetze, T. A., Kovács-Bogdán, E., Schürmann, P., Wagner, R., Buchanan, B. B., ... & Bölder, B. (2009). Characterization of Tic110, a channel-forming protein at the inner envelope membrane of chloroplasts, unveils a response to Ca²⁺ and a stromal regulatory disulfide bridge. *Journal of Biological Chemistry*, 284(5), 2603-2616. doi: 10.1074/jbc.M807134200.
- Baltz R, Evrard JL, Domon C, Steinmetz A (1992). A LIM motif is present in a pollen-specific protein. *Plant Cell* 4:1465–1466

- Baluška, F., Hlavacka, A., Šamaj, J., Palme, K., Robinson, D. G., Matoh, T., ... & Volkmann, D. (2002). F-actin-dependent endocytosis of cell wall pectins in meristematic root cells. Insights from brefeldin A-induced compartments. *Plant Physiology*, 130(1), 422-431.
- Bang, W. Y., Chen, J., Jeong, I. S., Kim, S. W., Kim, C. W., Jung, H. S., ... & Bahk, J. D. (2012). Functional characterization of ObgC in ribosome biogenesis during chloroplast development. *The Plant Journal*, 71(1), 122-134.
- Baruah, I., Baruah, G., Sahu, J., Singha, D. L., Dekaboruah, H., Velmurugan, N., & Chikkaputtaiah, C. (2020). Transient Sub-cellular Localization and In Vivo Protein-Protein Interaction Study of Multiple Abiotic Stress-Responsive AtEIF4A-III and AtALY4 Proteins in *Arabidopsis thaliana*. *PLANT MOLECULAR BIOLOGY REPORTER*.
- Basson, C.E., Groenewald, J.H., Kossmann, J., Cronje, C. and Bauer, R. (2010). Sugar and acid-related quality attributes and enzyme activities in strawberry fruits: invertase is the main sucrose hydrolysing enzyme. *Food Chem.* 121, 1156–1162.
- Bateman, A. (1997). The structure of a domain common to archaeobacteria and the homocystinuria disease protein. *Trends Biochem Sci* 22:12–13
- Bechtold, U., Murphy, D. J., & Mullineaux, P. M. (2004). *Arabidopsis* peptide methionine sulfoxide reductase2 prevents cellular oxidative damage in long nights. *The Plant Cell*, 16(4), 908-919. doi: 10.1105/tpc.015818.
- Bedon, F., Villar, E., Vincent, D., Dupuy, J. W., Lomenech, A. M., Mabilangoma, A., Chaumeil, P., Barré, A., Plomion, C., & Gion, J. M. (2012). Proteomic plasticity of two *Eucalyptus* genotypes under contrasted water regimes in the field. *Plant, Cell and Environment*, 35(4), 790–805. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3040.2011.02452.x>
- Beech, E., Rivers, M., Oldfield, S., & Smith, P. P. (2017). GlobalTreeSearch: The first complete global database of tree species and country distributions. *Journal of Sustainable Forestry*, 36(5), 454-489.
- Benešová, M., Hola, D., Fischer, L., Jedelský, P. L., Hnilička, F., Wilhelmová, N., ... & Fridrichova, L. (2012). The physiology and proteomics of drought tolerance in maize: early stomatal closure as a cause of lower tolerance to short-term dehydration?. *PLoS One*, 7(6), e38017.
- Bernard, S. M., & Habash, D. Z. (2009). The importance of cytosolic glutamine synthetase in nitrogen assimilation and recycling. *New Phytologist*, 182(3), 608-620.
- Bernfur, K., Rutsdottir, G. and Emanuelsson, C. (2017). The chloroplast-localized small heat shock protein Hsp21 associates with the thylakoid membranes in heat-stressed plants. *Protein Science*, 26: 1773-1784. <https://doi.org/10.1002/pro.3213>
- Bernsdorff, F., Döring, A. C., Gruner, K., Schuck, S., Bräutigam, A., & Zeier, J. (2016). Pipecolic acid orchestrates plant systemic acquired resistance and defense priming via salicylic acid-dependent and-independent pathways. *The Plant Cell*, 28(1), 102-129.
- Besson, V., Neuburger, M., Rébeillé, F., & Douce, R. (1995). Evidence for three serine hydroxymethyltransferases in green leaf cells. Purification and characterization of the mitochondrial and chloroplastic isoforms. *Plant physiology and biochemistry (Paris)*, 33(6), 665-673.
- Bhat, J. Y., Thieulin-Pardo, G., Hartl, F. U., & Hayer-Hartl, M. (2017). Rubisco Activases: AAA+ Chaperones Adapted to Enzyme Repair. *Frontiers in molecular biosciences*, 4, 20. <https://doi.org/10.3389/fmolb.2017.00020>
- Bian, S., & Jiang, Y. (2009). Reactive oxygen species, antioxidant enzyme activities and gene expression patterns in leaves and roots of Kentucky bluegrass in response to drought stress and recovery. *Scientia Horticulturae*, 120(2), 264-270.

- Biebl, M. M., & Buchner, J. (2019). Structure, function, and regulation of the Hsp90 machinery. *Cold Spring Harbor perspectives in biology*, 11(9), a034017. doi: 10.1101/cshperspect.a034017.
- Bielsa, B., Leida, C., & Rubio-Cabetas, M. J. (2016). Physiological characterization of drought stress response and expression of two transcription factors and two LEA genes in three *Prunus* genotypes. *Scientia Horticulturae*, 213, 260-269.
- Bissoli, G., Niñoles, R., Fresquet, S., Palombieri, S., Bueso, E., Rubio, L., ... & Serrano, R. (2012). Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase ROF2 modulates intracellular pH homeostasis in *Arabidopsis*. *The Plant Journal*, 70(4), 704-716. doi: 10.1111/j.1365-313X.2012.04921.x.
- Bobik K, Duby G, Nizet Y, Vandermeeren C, Stiernet P, Kanczewska J, Boutry M (2010). Two widely expressed plasma membrane H⁺-ATPase isoforms of *Nicotiana tabacum* are differentially regulated by phosphorylation of their penultimate threonine. *Plant J* 62:291–301. <https://doi.org/10.1111/j.1365-313X.2010.04147.x>
- Bogeat-Triboulot, M. B.; Brosché, M.; Renaut, J.; Jouve, L.; Le Thiec, D.; Fayyaz, P. et al. (2007). Gradual soil water depletion results in reversible changes of gene expression, protein profiles, ecophysiology, and growth performance in *Populus euphratica*, a poplar growing in arid regions. *Plant Physiol.*143:876–92.
- Bölter, B. (2018). En route into chloroplasts: preproteins' way home. *Photosynthesis research*, 138(3), 263-275.
- Borges, M. G., Leite, M. E., & Leite, M. R. (2018). Mapeamento do Eucalipto no Estado de Minas Gerais Utilizando o Sensor Modis / Using Modis Sensing to Map Eucalyptus Production in the State of Minas Gerais. *Espaço Aberto*, 8(1), 53–70. <https://doi.org/10.36403/espacoaberto.2018.14364>.
- Boyd, R. A., Gandin, A., & Cousins, A. B. (2015). Temperature responses of C4 photosynthesis: biochemical analysis of Rubisco, phosphoenolpyruvate carboxylase, and carbonic anhydrase in *Setaria viridis*. *Plant Physiology*, 169(3), 1850-1861. doi: 10.1104/pp.15.00586. Epub 2015 Sep 15. PMID: 26373659; PMCID: PMC4634053.
- Bracher A, Whitney SM, Hartl FU, Hayer-Hartl M. (2017). Biogenesis and metabolic maintenance of rubisco. *Annual Review of Plant Biology* 68: 29–60.
- Bradford, M. M. (1976). A rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding. *Anal Biochem.* May 7;72:248-54. PubMed PMID: 942051.
- Bu, Y., Kou, J., Sun, B., Takano, T., & Liu, S. (2015). Adverse effect of urease on salt stress during seed germination in *Arabidopsis thaliana*. *Febs Letters*, 589(12), 1308-1313.
- Buchberger A. (2013). Roles of Cdc48 in regulated protein degradation in yeast. *Sub-cellular biochemistry*, 66, 195–222. https://doi.org/10.1007/978-94-007-5940-4_8
- Budzinski, I., de Moraes, F. E., Cataldi, T. R., Franceschini, L. M., & Labate, C. A. (2019). Network Analyses and Data Integration of Proteomics and Metabolomics From Leaves of Two Contrasting Varieties of Sugarcane in Response to Drought. *Frontiers in plant science*, 10, 1524. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.01524>
- Budzinski, I.G.; Regiani, T.; Labate, M.T.V.; Guidetti-Gonzalez, S.; Silva, D.I.R.; Rodrigues, M.J.C.; Borges, J.S.; Mozol, I.M.; Labate, C.A. (2013). Proteômica. In: BORÉM, A.; FRITSCHE-NETO, R. *Ômicas 360°: Aplicações e Estratégias para o Melhoramento de Plantas*. Viçosa, Minas Gerais: Universidade Federal de Viçosa. cap. 7, p.153-179.
- Bush, M.S., Crowe, N., Zheng, T., Doonan, J.H. (2015). The RNA helicase, eIF4A-1, is required for ovule development and cell size homeostasis in *Arabidopsis*. *Plant J.* 84(5):989-1004.
- Callister AN, Arndt SK, Ades PK et al (2008). Leaf osmotic potential of *Eucalyptus* hybrids responds differently to freezing and drought, with little clonal variation. *Tree Physiol* 28:1297–1304.

- Cano, F.J., Sharwood, R.E., Cousins, A.B. and Ghannoum, O. (2019). The role of leaf width and conductances to CO₂ in determining water use efficiency in C4 grasses. *New Phytol.* 223, 1280–1295.
- Cantero, A., Barthakur, S., Bushart, T. J., Chou, S., Morgan, R. O., Fernandez, M. P., ... & Roux, S. J. (2006). Expression profiling of the Arabidopsis annexin gene family during germination, de-etiolation and abiotic stress. *Plant physiology and biochemistry*, 44(1), 13-24.
- Cao, J., & Tan, X. (2019). Comprehensive Analysis of the Chitinase Family Genes in Tomato (*Solanum lycopersicum*). *Plants (Basel, Switzerland)*, 8(3), 52. <https://doi.org/10.3390/plants8030052>.
- Cao, S., Du, X. H., Li, L. H., Liu, Y. D., Zhang, L., Pan, X., ... & Lu, H. (2017). Overexpression of *Populus tomentosa* cytosolic ascorbate peroxidase enhances abiotic stress tolerance in tobacco plants. *Russian Journal Of Plant Physiology*, 64(2), 224-234. <https://doi.org/10.1134/S1021443717020029>
- Carroll, A. J., Heazlewood, J. L., Ito, J., & Millar, A. H. (2008). Analysis of the Arabidopsis cytosolic ribosome proteome provides detailed insights into its components and their post-translational modification. *Molecular & cellular proteomics : MCP*, 7(2), 347–369. <https://doi.org/10.1074/mcp.M700052-MCP200>
- Caruso, A.; Morabito, D.; Delmotte, F.; Kahlem, G.; Carpin, S. (2002). Dehydrin induction during drought and osmotic stress in *Populus*. *Plant Phys Biochem.*40:1033–42.
- Caster, S. Z., Castillo, K., Sachs, M. S., & Bell-Pedersen, D. (2016). Circadian clock regulation of mRNA translation through eukaryotic elongation factor eEF-2. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 113(34), 9605-9610.
- Cavada, B. S., Moreno, F. B., da Rocha, B. A., de Azevedo, W. F. Jr., Castellon, R. E., Goersch, G. V., et al. (2006). cDNA cloning and 1.75 Å crystal structure determination of PPL2, an endochitinase and N-acetylglucosamine-binding hemagglutinin from *Parkia platycephala* seeds. *FEBS J.* 273, 3962–3974. doi: 10.1111/j.1742-4658.2006.05400.x
- CEPED 2013. CEPED - Centro Universitário de Estudos e Pesquisas sobre Desastres. Atlas brasileiro de desastres naturais: 1991 a 2012 / Centro Universitário de Estudos e Pesquisas sobre Desastres. 2. ed. rev. ampl. – Florianópolis: CEPED Universidade Federal de Santa Catarina (UFSC)
- Chaves, M. M., Pereira, J. S., Maroco, J., Rodrigues, M. L., Ricardo, C. P., Osório, M. L., Carvalho, I., Faria, T., & Pinheiro, C. (2002). How plants cope with water stress in the field. Photosynthesis and growth. *Annals of botany*, 89 Spec No(7), 907–916. <https://doi.org/10.1093/aob/mcf105>
- Chen, A. P., Wang, G. L., Qu, Z. L., Lu, C. X., Liu, N., Wang, F., & Xia, G. X. (2007). Ectopic expression of ThCYP1, a stress-responsive cyclophilin gene from *Thellungiella halophila*, confers salt tolerance in fission yeast and tobacco cells. *Plant Cell Reports*, 26(2), 237-245. doi: 10.1007/s00299-006-0238-y.
- Chen, F., Dong, G., Wu, L. et al. (2016a). A Nucleus-Encoded Chloroplast Protein YL1 Is Involved in Chloroplast Development and Efficient Biogenesis of Chloroplast ATP Synthase in Rice. *Sci Rep* 6, 32295 <https://doi.org/10.1038/srep32295>
- Chen, J. Y., & Dai, X. F. (2010). Cloning and characterization of the *Gossypium hirsutum* major latex protein gene and functional analysis in *Arabidopsis thaliana*. *Planta*, 231(4), 861-873.
- Chen, J. Y., & Dai, X. F. (2010). Cloning and characterization of the *Gossypium hirsutum* major latex protein gene and functional analysis in *Arabidopsis thaliana*. *Planta*, 231(4), 861-873.
- Chen, L., Guan, L., Qian, P., Xu, F., Wu, Z., Wu, Y., He, K., Gou, X., Li, J., & Hou, S. (2016b). NRPB3, the third largest subunit of RNA polymerase II, is essential for stomatal patterning and differentiation in *Arabidopsis*. *Development (Cambridge, England)*, 143(9), 1600–1611. <https://doi.org/10.1242/dev.129098>

- Chen, M., Liang, Q., & Zhang, C. (2018c). Cloning and characterization of 5-formyltetrahydrofolate cycloligase from maize. *Journal of Agricultural Science and Technology (Beijing)*, 20(6), 11-18.
- Chen, Q., Wang, B., Ding, H., Zhang, J., & Li, S. (2019). Review: The role of NADP-malic enzyme in plants under stress. *Plant science : an international journal of experimental plant biology*, 281, 206–212. <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2019.01.010>
- Chen, Y., Chi, Y., Meng, Q., Wang, X., & Yu, D. (2018b). GmSK1, an SKP1 homologue in soybean, is involved in the tolerance to salt and drought. *Plant Physiology and Biochemistry*, 127, 25-31.
- Chen, Y.L., Chen, L.J., Chu, C.C., Huang, P.K., Wen, J.-R., Li, H.M. (2018a). TIC236 links the outer and inner membrane translocons of the chloroplast. *Nature* 564: 125–129.
- Cheng H, Li LL, Xu F, Wang Y, Yuan HH, Wu CH, Wang SB, Liao ZQ, Hua J, Wang YP, Cheng SY, Cao FL (2013) Expression patterns of an isoflavone reductase-like gene and its possible roles in secondary metabolism in *Ginkgo biloba*. *Plant Cell Rep* 32:637–650. doi:10.1007/s00299-013-1397-2
- Cheng, J., Wang, L., Zeng, P., He, Y., Zhou, R., Zhang, H., et al. (2017). Identification of genes involved in rice seed priming in the early imbibition stage. *Plant Biol.* 19, 61–69. doi: 10.1111/plb.12438.
- Chipman, D. M., & Shaanan, B. (2001). The ACT domain family. *Current opinion in structural biology*, 11(6), 694–700. [https://doi.org/10.1016/s0959-440x\(01\)00272-x](https://doi.org/10.1016/s0959-440x(01)00272-x)
- Chong, J., Wishart, D.S. and Xia, J. (2019). Using MetaboAnalyst 4.0 for Comprehensive and Integrative Metabolomics Data Analysis. *Current Protocols in Bioinformatics* 68, e86
- Chou, K. C. (2019). Progresses in predicting post-translational modification. *International Journal of Peptide Research and Therapeutics*, 1-16. <https://doi.org/10.1007/s10989-019-09893-5>
- Christensen, K.E. and MacKenzie, R.E. (2006). Mitochondrial one-carbon metabolism is adapted to the specific needs of yeast, plants and mammals. *Bioessays*, 28: 595-605. <https://doi.org/10.1002/bies.20420>
- Christmann, A., & Grill, E. (2018). Peptide signal alerts plants to drought.
- Chu, H. D., Nguyen, K. L., Watanabe, Y., Le, D. T., & Tran, L. S. P. (2016). Expression analyses of soybean genes encoding methionine-R-sulfoxide reductase under various conditions suggest a possible role in the adaptation to stress. *Applied Biological Chemistry*, 59(5), 681-687. Clark, G.B., Lee, D., Dauwalder, M. et al. Immunolocalization and histochemical evidence for the association of two different *Arabidopsis* annexins with secretion during early seedling growth and development. *Planta* 220, 621–631 (2005). <https://doi.org/10.1007/s00425-004-1374-7>
- Cloutier, P., Lavallée-Adam, M., Faubert, D., Blanchette, M., & Coulombe, B. (2013). A newly uncovered group of distantly related lysine methyltransferases preferentially interact with molecular chaperones to regulate their activity. *PLoS genetics*, 9(1), e1003210. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1003210>
- Colebrook, E. H., S. G. Thomas, A. L. Phillips, and P. Hedden. (2014). The role of gibberellin signalling in plant responses to abiotic stress. *J. Exp. Biol.* 217: 67–75. doi:10.1242/jeb.089938
- Coll, N. S., Vercammen, D., Smidler, A., Clover, C., Van Breusegem, F., Dangl, J. L., & Epple, P. (2010). *Arabidopsis* type I metacaspases control cell death. *Science*, 330(6009), 1393-1397.
- Collakova E., Goyer A., Naponelli V., Krassovskaya I., Gregory J.F., Hanson A.D., Shachar-Hill Y. (2008). *Arabidopsis* 10-formyl tetrahydrofolate deformylases are essential for photorespiration. *Plant Cell*, 20, 1818–1832.
- Cooper, C., Bryant, M., Hogan, N. et al. (2019). Investigations of Amino Acids in the 5-Formyltetrahydrofolate Binding Site of 5,10-Methenyltetrahydrofolate Synthetase from *Mycoplasma pneumonia*. *Protein J* 38, 409–418 <https://doi.org/10.1007/s10930-019-09861-4>

- Copeland, C., Ao, K., Huang, Y., Tong, M., & Li, X. (2016a). The evolutionarily conserved E3 ubiquitin ligase AtCHIP contributes to plant immunity. *Frontiers in plant science*, 7, 309. doi: 10.3389/fpls.2016.00309.
- Copeland, C., Woloshen, V., Huang, Y. and Li, X. (2016b), AtCDC48A is involved in the turnover of an NLR immune receptor. *Plant J*, 88: 294-305. <https://doi.org/10.1111/tpj.13251>
- Corrêa, T. R., de Toledo Picoli, E. A., de Souza, G. A., Condé, S. A., Silva, N. M., Lopes-Mattos, K. L. B., ... & Oda, S. (2017). Phenotypic markers in early selection for tolerance to dieback in Eucalyptus. *Industrial Crops and Products*, 107, 130-138.
- Corrêa-Ferreira, M. L., Viudes, E. B., de Magalhães, P. M., de Santana Filho, A. P., Sasaki, G. L., Pacheco, A. C., & de Oliveira Petkowicz, C. L. (2019). Changes in the composition and structure of cell wall polysaccharides from *Artemisia annua* in response to salt stress. *Carbohydrate research*, 483, 107753.
- Costa e Silva F, Shvaleva A, Maroco JP, Almeida MH, Chaves MM, Pereira JS. (2004). Responses to water stress in two Eucalyptus globulus clones differing in drought tolerance. *Tree Physiol*, 24(10):1165-72. doi: 10.1093/treephys/24.10.1165. PMID: 15294763.
- Cramer, G. R., Urano, K., Delrot, S., Pezzotti, M., Shinozaki, K.. Effects of abiotic stress on plants: a systems biology perspective. *BMC Plant Biol*. 11, 163. (2011).
- Crowther, J. M., Cross, P. J., Oliver, M. R., Leeman, M. M., Bartl, A. J., Weatherhead, A. W., ... & Hudson, A. O. (2019). Structure–function analyses of two plant meso-diaminopimelate decarboxylase isoforms reveal that active-site gating provides stereochemical control. *Journal of Biological Chemistry*, 294(21), 8505-8515. doi: 10.1074/jbc.RA118.006825.
- Cruz, T. M., Carvalho, R. F., Richardson, D. N., & Duque, P. (2014). Abscisic acid (ABA) regulation of Arabidopsis SR protein gene expression. *International journal of molecular sciences*, 15(10), 17541–17564. <https://doi.org/10.3390/ijms151017541>
- Cui, Q., Du, R., Liu, M., & Rong, L. (2020). Lignans and their derivatives from plants as antivirals. *Molecules*, 25(1), 183. Cunha, A. P. M. A., Zeri, M., Leal, K. D., Costa, L., Cuartas, L. A., Marengo, J. A., Tomasella, J., Vieira, R. M., Barbosa, A. A., Cunningham, C., Cal Garcia, J. V., Broedel, E., Alvalá, R., & Ribeiro-Neto, G. (2019). Extreme drought events over Brazil from 2011 to 2019. *Atmosphere*, 10(11). <https://doi.org/10.3390/atmos10110642>.
- Cutler, S. R., Rodriguez, P. L., Finkelstein, R. R., & Abrams, S. R. (2010). Abscisic acid: emergence of a core signaling network. *Annual review of plant biology*, 61, 651-679.
- da Fonseca-Pereira, P., Neri-Silva, R., Cavalcanti, J. H. F., Brito, D. S., Weber, A. P., Araújo, W. L., & Nunes-Nesi, A. (2018). Data-mining bioinformatics: Connecting adenylate transport and metabolic responses to stress. *Trends in plant science*, 23(11), 961-974. Dai N, Wang W, Patterson SE, Bleecker AB. The TMK subfamily of receptor-like kinases in Arabidopsis display an essential role in growth and a reduced sensitivity to auxin. *PLoS One*. 2013 Apr 16;8(4):e60990. doi: 10.1371/journal.pone.0060990. PMID: 23613767; PMCID: PMC3628703.
- Dai, Q., Zhang, C., Wu, Y., McDonough, H., Whaley, R. A., Godfrey, V., ... & Cyr, D. (2003). CHIP activates HSF1 and confers protection against apoptosis and cellular stress. *The EMBO journal*, 22(20), 5446-5458. doi: 10.1093/emboj/cdg529.
- Damghan, I. R. (2009). Exogenous application of brassinosteroid alleviates drought-induced oxidative stress in *Lycopersicon esculentum* L. *General and applied plant physiology*, 35(1-2), 22-34.
- Das, A., Rushton, P. J., & Rohila, J. S. (2017). Metabolomic profiling of soybeans (*Glycine max* L.) reveals the importance of sugar and nitrogen metabolism under drought and heat stress. *Plants*, 6(2), 21. doi: 10.3390/plants6020021.

- Daszkowska-Golec, A., Wojnar, W., Rosikiewicz, M., Szarejko, I., Maluszynski, M., Szweykowska-Kulinska, Z., & Jarmolowski, A. (2013). Arabidopsis suppressor mutant of *abh1* shows a new face of the already known players: ABH1 (CBP80) and ABI4 in response to ABA and abiotic stresses during seed germination. *Plant molecular biology*, 81(1-2), 189–209. <https://doi.org/10.1007/s11103-012-9991-1>
- Datta, R., Kumar, D., Sultana, A., Hazra, S., Bhattacharyya, D., and Chattopadhyay, S. (2015). Glutathione regulates 1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase transcription via WRKY33 and 1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase by modulating messenger RNA stability to induce ethylene synthesis during stress. *Plant Physiol.* 169, 2963–2981. doi: 10.1104/pp.15.01543
- De Kraker, J. W., Luck, K., Textor, S., Tokuhisa, J. G., & Gershenzon, J. (2007). Two Arabidopsis genes (IPMS1 and IPMS2) encode isopropylmalate synthase, the branchpoint step in the biosynthesis of leucine. *Plant physiology*, 143(2), 970-986. doi: 10.1104/pp.106.085555. Epub 2006 Dec 22. PMID: 17189332; PMCID: PMC1803721.
- Degenhardt RF, Bonham-Smith PC (2008) Arabidopsis ribosomal proteins RPL23aA and RPL23aB are differentially targeted to the nucleolus and are disparately required for normal development. *Plant Physiol* 147:128–142
- Dellero Y, Jossier M, Schmitz J, Maurino VG, Hodges M (2016). Photorespiratory glycolate-glyoxylate metabolism. *J Exp Bot* 67:3041–3052
- Deusdará-Leal, K.R.; Cuartas, L.A.; Zhang, R.; Mohor, G.S.; Carvalho, L.V.C.; Nobre, C.; Mendiondo, E.M.; Broedel, E.; Seluchi, M.; Alvalá, R. (2019). Implication of the new operation rules for Cantareira System: Re-reading of the 2014/2015 water crisis. *Water Resour.*
- Devos S, Laukens K, Deckers P, Van Der Straeten D, Beeckman T, Inze D, Van Onckelen H, Witters E, Prinsen E (2006). A hormone and proteome approach to picturing the initial metabolic events during *Plasmodiophora brassicae* infection on Arabidopsis. *Mol Plant-Microb Interact* 19(12):1431–1443
- Dhonukshe, P., Tanaka, H., Goh, T., Ebine, K., Mähönen, A. P., Prasad, K., ... & Chory, J. (2008). Generation of cell polarity in plants links endocytosis, auxin distribution and cell fate decisions. *Nature*, 456(7224), 962-966.
- DiMario, R.J., Clayton, H., Mukherjee, A., Ludwig, M. and Moroney, J.V. (2017). Plant carbonic anhydrases: structures, locations, evolution, and physiological roles. *Mol. Plant*, 10, 30–46.
- Dimitriou, P. S., Denesyuk, A., Takahashi, S., Yamashita, S., Johnson, M. S., Nakayama, T., & Denessiouk, K. (2017). Alpha/beta-hydrolases: a unique structural motif coordinates catalytic acid residue in 40 protein fold families. *Proteins: Structure, Function, and Bioinformatics*, 85(10), 1845-1855. <https://doi.org/10.1002/prot.25338>
- Dinakar, C., Raghavendra, A. S., & Padmasree, K. (2010). Importance of AOX pathway in optimizing photosynthesis under high light stress: role of pyruvate and malate in activating AOX. *Physiologia Plantarum*, 139(1), 13-26. doi: 10.1111/j.1399-3054.2010.01346.x.
- Dinakar, C., Vishwakarma, A., Raghavendra, A. S., & Padmasree, K. (2016). Alternative oxidase pathway optimizes photosynthesis during osmotic and temperature stress by regulating cellular ROS, malate valve and antioxidative systems. *Frontiers in Plant Science*, 7, 68. doi: 10.3389/fpls.2016.00068.
- Dinh, T. H., Kaewpradit, W., Jogloy, S., Vorasoot, N., & Patanothai, A. (2014). Nutrient uptake of peanut genotypes with different levels of drought tolerance under midseason drought. *Turkish Journal of Agriculture and Forestry*, 38, 495–505. [10.3906/tar-1309-45](https://doi.org/10.3906/tar-1309-45)
- Dixon, D. P., Cummins, I., Cole, D. J., and Edwards, R. (1998). Glutathione-mediated detoxification systems in plants. *Curr. Opin. Plant Biol.* 1, 258–266. doi: 10.1016/S1369-5266(98)80114-3

- Dodds, P. N. & Rathjen, J. P. (2010). Plant immunity: towards an integrated view of plant-pathogen interactions. *Nature Reviews Genetics*, 11, 539-548.
- dos Santos, S. L., Petropoulos, I., & Friguet, B. (2018). The Oxidized Protein Repair Enzymes Methionine Sulfoxide Reductases and Their Roles in Protecting against Oxidative Stress, in *Ageing and in Regulating Protein Function. Thioredoxin and Glutaredoxin Systems*, 54.
- Drażkiewicz, M., Skórzyńska-Polit, E., & Krupa, Z. (2004). Copper-induced oxidative stress and antioxidant defence in *Arabidopsis thaliana*. *Biometals*, 17(4), 379-387.
- Du, H., Zeng, F., Peng, W., Wang, K., Zhang, H., Liu, L., & Song, T. (2015). Carbon storage in a Eucalyptus plantation chronosequence in Southern China. *Forests*, 6(6), 1763-1778.
- Du, X., Yin, W., Zhao, Y., and Zhang, H. (2001). The production and scavenging of reactive oxygen species in plants, *Chin. J. Biotechnol.*, 17, 121–125.
- Duan Z, Tominaga M. (2018). Actin-myosin XI: an intracellular control network in plants. *Biochemical and Biophysical Research Communications*. doi: 10.1016/j.bbrc.2017.12.169.
- Durand, T. C.; Sergeant, K.; Renaut, J.; Planchon, S.; Hoffmann, L.; Carpin, S.; HAUSMAN, J. F. (2011). Poplar under drought: Comparison of leaf and cambial proteomic responses. *Journal of Proteomics*, 74(8), 1396–1410. <https://doi.org/10.1016/j.jprot.2011.03.013>.
- Eisa, A., Bölter, B., & Schwenkert, S. (2019). The ACT domain in chloroplast precursor–phosphorylating STY kinases binds metabolites and allosterically regulates kinase activity. *Journal of Biological Chemistry*, 294(46), 17278-17288.
- Eisenhut, M., Bräutigam, A., Timm, S., Florian, A., Tohge, T., Fernie, A. R., ... & Weber, A. P. (2017). Photorespiration is crucial for dynamic response of photosynthetic metabolism and stomatal movement to altered CO₂ availability. *Molecular plant*, 10(1), 47-61. doi: 10.1016/j.molp.2016.09.011.
- Ellison SL, Luby CH, Corak KE, Coe KM, Senalik D, Iorizzo M, Goldman IL, Simon PW, Dawson JC. (2018). Carotenoid presence is associated with the Or gene in domesticated carrot. *Genetics* 210, 1497-1508
- El-Tanani M, Platt-Higgins A, Rudland PS, Campbell FC (2004). Ets gene PEA3 cooperates with β -catenin-Lef-1 and c-Jun in regulation of osteopontin transcription. *J Biol Chem* 279(20):20794–20806
- EM-DAT: The OFDA/CRED International Disaster Database. Available online: <https://www.emdat.be/publications>, (accessed on 04 March 2020).
- Ercili-Cura, D., Huppertz, T., Kelly, A.L.. Chapter: 4 Enzymatic modification of dairy product texture. *Modifying Food Texture*. Publisher: Elsevier. Date: 2015 Copyright © 2015 Elsevier Ltd. All rights reserved. <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/B9781782423331000048>
- Eriksson, E.M.; Bovy, A.; Manning, K.; Harrison, L.; Andrews, J.; De Silva, J.; Tucker, G.A.; Seymour, G.B. (2004). Effect of the colorless non-ripening mutation on cell wall biochemistry and gene expression during tomato fruit development and ripening. *Plant Physiol.* 136, 4184–4197.
- Espírito Santo F, Ramos AM, de Lima MIP, Trigo RM (2014) Seasonal changes in daily precipitation extremes in mainland Portugal from 1941 to 2007. *Reg Environ Change*. doi:10.1007/s10113-013-0515-6
- Esteve-Bruna, D., Carrasco-López, C., Blanco-Touriñán, N., Iserte, J., Calleja-Cabrera, J., Perea-Resa, C., ... & Salinas, J. (2020). Prefoldins contribute to maintaining the levels of the spliceosome LSM2–8 complex through Hsp90 in *Arabidopsis*. *Nucleic Acids Research*, 48(11), 6280-6293. doi: 10.1093/nar/gkaa354.
- Eucalipto. Centro de Inteligência em Florestas, 2017. Disponível em: < <http://www.ciflorestas.com.br/texto.php?p=eucalipto>>. Acesso em: 15 de abril de 2020.

- Ewens, C. A., Kloppsteck, P., Förster, A., Zhang, X., & Freemont, P. S. (2010). Structural and functional implications of phosphorylation and acetylation in the regulation of the AAA+ protein p97. *Biochemistry and cell biology = Biochimie et biologie cellulaire*, 88(1), 41–48. <https://doi.org/10.1139/o09-128>
- Eyidogan, F., & Öz, M. T. (2007). Effect of salinity on antioxidant responses of chickpea seedlings. *Acta Physiologiae Plantarum*, 29(5), 485.
- Faize, M., Burgos, L., Faize, L., Piqueras, A., Nicolas, E., Barba-Espin, G., Clemente-Moreno, M., Alcobendas, R., Artlip, T., and Hernandez, J. (2011). Involvement of cytosolic ascorbate peroxidase and Cu/Zn-superoxide dismutase for improved tolerance against drought stress, *J. Exp. Bot.*, 62, 2599–2613.
- Falhof J, Pedersen JT, Fuglsang AT, Palmgren M (2016). Plasma membrane H⁺-ATPase regulation in the center of plant physiology. *Mol Plant* 9:323–337. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2015.11.002>
- Fan, W. , Liu, C. , Cao, B. , Qin, M. , Long, D. , Xiang, Z. , & Zhao, A. (2018). Genome-wide identification and characterization of four gene families putatively involved in cadmium uptake, translocation and sequestration in mulberry. *Frontiers in Plant Science* , 9 , 1–16. <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.00879>
- Farrugia, M. A., Macomber, L., & Hausinger, R. P. (2013). Biosynthesis of the urease metallocenter. *The Journal of biological chemistry*, 288(19), 13178–13185. <https://doi.org/10.1074/jbc.R112.446526>
- Ferreira, L. C. (2013). Caracterização do proteoma e fosfoproteoma de raízes de plantas de *Eucalyptus grandis* sob estresse hídrico. Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2013.
- Field, M. S., Anderson, D. D., & Stover, P. J. (2011). Mthfs is an essential gene in mice and a component of the purinosome. *Frontiers in genetics*, 2, 36.
- Finley, D., Ulrich, H. D., Sommer, T., and Kaiser, P. (2012). The ubiquitin-proteasome system of *Saccharomyces cerevisiae*. *Genetics* 192, 319–360. doi: 10.1534/genetics.112.140467
- Fladung, M., Schroeder, H., Wehenkel, C., & Kersten, B. (2015). Differentiation of six *Eucalyptus* trees grown in Mexico by ITS and six chloroplast barcoding markers. *Silvae Genetica*, 64(1-6), 121-130.
- Flexas, J., Barbour, M.M., Brendel, O. et al. (2012). Mesophyll diffusion conductance to CO₂: an unappreciated central player in photosynthesis. *Plant Sci.* 193–194, 70–84.
- Flores-Pérez, Ú., Bédard, J., Tanabe, N., Lymperopoulos, P., Clarke, A.K., Jarvis, P. (2016). Functional analysis of the Hsp93/ClpC chaperone at the chloroplast envelope. *Plant Physiol.* 170: 147–162.
- Foyer C.H., Bloom A.J., Queval G., Noctor G. (2009). Photorespiratory metabolism: genes, mutants, energetics, and redox signaling. *Annual Review of Plant Biology*, 60, 455–484.
- Fridovich, I. (1995). Superoxide radical and superoxide dismutases. *Annual review of biochemistry*, 64(1), 97-112.
- Fu, Y. L., Zhang, G. B., Lv, X. F., Guan, Y., Yi, H. Y., & Gong, J. M. (2013). Arabidopsis histone methylase CAU1/PRMT5/SKB1 acts as an epigenetic suppressor of the calcium signaling gene CAS to mediate stomatal closure in response to extracellular calcium. *The Plant Cell*, 25(8), 2878-2891.
- Galicia-Vazquez, G.; Cencic, R.; Robert, F.; Agenor, A. Q.; Pelletier, J. (2012). A cellular response linking eIF4AI activity to eIF4AII transcription. *RNA* 18(7):1373–1384. <https://doi.org/10.1261/rna.033209.112>
- Gallie, G., Amir, R., & Fernie, A. R. (2016). The regulation of essential amino acid synthesis and accumulation in plants. *Annual review of plant biology*, 67, 153-178.
- Gallie, D. R., & Chen, Z. (2019). Chloroplast-localized iron superoxide dismutases FSD2 and FSD3 are functionally distinct in Arabidopsis. *PloS one*, 14(7), e0220078. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0220078>

- Galvez-Valdivieso, G., & Mullineaux, P. M. (2010). The role of reactive oxygen species in signalling from chloroplasts to the nucleus. *Physiologia Plantarum*, 138(4), 430-439. doi: 10.1111/j.1399-3054.2009.01331.x.
- Gapińska, M., Skłodowska, M., & Gabara, B. (2008). Effect of short-and long-term salinity on the activities of antioxidative enzymes and lipid peroxidation in tomato roots. *Acta Physiologiae Plantarum*, 30(1), 11.
- Gayen, D., Ghosh, S., Paul, S., Sarkar, S. N., Datta, S. K., & Datta, K. (2016). Metabolic Regulation of Carotenoid-Enriched Golden Rice Line. *Frontiers in plant science*, 7, 1622. <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.01622>.
- Geng, D., Chen, P., Shen, X., Zhang, Y., Li, X., Jiang, L., ... & Ma, F. (2018). MdMYB88 and MdMYB124 enhance drought tolerance by modulating root vessels and cell walls in apple. *Plant physiology*, 178(3), 1296-1309.
- Gerrard Wheeler, M. C., Arias, C. L., Righini, S., Badia, M. B., Andreo, C. S., Drincovich, M. F., et al. (2016). Differential contribution of malic enzymes during soybean and castor seeds maturation. *PLoS One* 11:e0158040. doi: 10.1371/journal.pone.0158040
- Gigova, A., Duggimpudi, S., Pollex, T., Schaefer, M., & Koš, M. (2014). A cluster of methylations in the domain IV of 25S rRNA is required for ribosome stability. *RNA*, 20(10), 1632-1644. doi: 10.1261/rna.043398.113.
- Gill, S. S., Anjum, N. A., Gill, R., Yadav, S., Hasanuzzaman, M., Fujita, M., ... & Tuteja, N. (2015). Superoxide dismutase—mentor of abiotic stress tolerance in crop plants. *Environmental Science and Pollution Research*, 22(14), 10375-10394. <http://doi.org/10.1007/s11356-015-4532-5>.
- Gladman, N. P., Marshall, R. S., Lee, K. H., and Vierstra, R. D. (2016). The proteasome stress regulon is controlled by a pair of NAC transcription factors in *Arabidopsis*. *Plant Cell* 28, 1279–1296. doi: 10.1105/tpc.15.01022
- Goepfert, S., Hiltunen, J. K., & Poirier, Y. (2006). Identification and functional characterization of a monofunctional peroxisomal enoyl-CoA hydratase 2 that participates in the degradation of even cis-unsaturated fatty acids in *Arabidopsis thaliana*. *Journal of Biological Chemistry*, 281(47), 35894-35903.
- Gonçalves, C. D. C., Pinheiro, G. M., Dahlström, K. M., Souto, D. E., Kubota, L. T., Barbosa, L. R., & Ramos, C. H. (2020). On the structure and function of *Sorghum bicolor* CHIP (Carboxyl terminus of Hsc70-Interacting Protein), a link between chaperone and proteasome systems. *Plant Science*, 110506.
- Gonçalves, E. F.; Moller, G. S. F.; Rudorff, F. M. (2004). Distribuição dos desastres naturais no Estado de Santa Catarina: estiagem (1980-2003). In: SIMPÓSIO BRASILEIRO DE DESASTRES NATURAIS, 1., Florianópolis. Anais... Florianópolis: GEDN/UFSC. p. 773-786.
- Goujon, T., Minic, Z., El Amrani, A., Lerouxel, O., Aletti, E., Lapierre, C., Joseleau, J.-P., and Jouanin, L. (2003b). AtBXL1, a novel higher plant (*Arabidopsis thaliana*) putative beta-xylosidase gene, is involved in secondary cell wall metabolism and plant development. *Plant J.* 33: 677–90.
- Goujon, T., Sibout, R., Pollet, B. et al. (2003a). A new *Arabidopsis thaliana* mutant deficient in the expression of O-methyltransferase impacts lignins and sinapoyl esters. *Plant Mol Biol* 51, 973–989 <https://doi.org/10.1023/A:1023022825098>
- Grant G. A. (2006). The ACT domain: a small molecule binding domain and its role as a common regulatory element. *The Journal of biological chemistry*, 281(45), 33825–33829. <https://doi.org/10.1074/jbc.R600024200>
- Gray, W. M., Kepinski, S., Rouse, D., Leyser, O., & Estelle, M. (2001). Auxin regulates SCF TIR1-dependent degradation of AUX/IAA proteins. *Nature*, 414(6861), 271-276. doi: 10.1038/35104500. PMID: 11713520.
- Guan, Q., Wang, Z., Wang, X., Takano, T., and Liu, S. (2015). A peroxisomal APX from *Puccinellia tenuiflora* improves the abiotic stress tolerance of transgenic *Arabidopsis thaliana* through decreasing of H₂O₂ accumulation. *J. Plant Physiol.* 175, 183–191. doi: 10.1016/j.jplph.2014.10.020

- Guarnaschelli A.B, Lemcoff J.H, Prystupa P, Basci S.O (2003) Responses to drought preconditioning in *Eucalyptus globulus* Labill. Provenances. *Trees Struct Funct* 17:501–509. doi: 10.1007/s00468-003-0264-0.
- Guerra, D.D., and Callis, J. (2012). Ubiquitin on the move: the ubiquitin modification system plays diverse roles in the regulation of endoplasmic reticulum-and plasma membrane-localized proteins. *Plant Physiol* 160, 56–64.
- Gullner, G., Zechmann, B., Künstler, A., and Király, L. (2017). “The signaling roles of glutathione in plant disease resistance,” in *Glutathione in Plant Growth, Development, and Stress Tolerance*, eds M. A. Hossain, M. G. Mostofa, P. D. Vivancos, D. J. Burritt, M. Fujita, and L. S. P. Tran (Cham: Springer International Publishing), 331–357. doi: 10.1007/978-3-319-66682-2_15
- Guo, H., & Ecker, J. R. (2003). Plant responses to ethylene gas are mediated by SCFEBF1/EBF2-dependent proteolysis of EIN3 transcription factor. *Cell*, 115(6), 667-677.
- Guo, J., Jia, Y., Chen, H., Zhang, L., Yang, J., Zhang, J., ... & Zhou, Y. (2019). Growth, photosynthesis, and nutrient uptake in wheat are affected by differences in nitrogen levels and forms and potassium supply. *Scientific reports*, 9(1), 1-12.
- Guo, L., Devaiah, S. P., Narasimhan, R., Pan, X., Zhang, Y., Zhang, W., & Wang, X. (2012). Cytosolic glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenases interact with phospholipase D δ to transduce hydrogen peroxide signals in the *Arabidopsis* response to stress. *The Plant cell*, 24(5), 2200–2212. <https://doi.org/10.1105/tpc.111.094946>
- Guo, Y., Xiong, L., Ishitani, M., & Zhu, J. K. (2002). An *Arabidopsis* mutation in translation elongation factor 2 causes superinduction of CBF/DREB1 transcription factor genes but blocks the induction of their downstream targets under low temperatures. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 99(11), 7786-7791.
- Guttman, G.B. (1998). Comparing the Palmer Drought Index and the Standardized Precipitation Index. *J. Am. Water Resour.* 1998, 34, 113–121.
- Guzha, A., McGee, R., Hartken, D., Scholz, P., Lüdke, D., Bauer, K., ... & Wiermer, M. (2019). The cell-wall-localised BETA-XYLOSIDASE 4 contributes to immunity of *Arabidopsis* against *Botrytis cinerea*. *bioRxiv*, 851170. DOI: 10.1101/851170.
- Gygi, S. P.; Rochon, Y.; Franza, B. R.; Aebersold, R. (1999). Correlation between protein and mRNA abundance in yeast. *Mol Cell Biol*.19:1720–30.
- Hagemann M, Weber APM, Eisenhut M (2016). Photorespiration: origins and metabolic integration in interacting compartments. *J Exp Bot* 67:2915–2918
- Hajiboland, R. Chapter 1 Reactive Oxygen Species and Photosynthesis. Book: *Oxidative Damage to Plants*. Author: Roghieh Hajiboland. Publisher: Elsevier. Date: 2014
- Han L.B., Li Y.B., Wang H.Y., Wu X.M., Li C.L., Luo M., Wu S.J., Kong Z.S., Pei Y., Jiao G.L., Xia G.X. (2013b) The dual functions of WLIM1a in cell elongation and secondary wall formation in developing cotton fibers. *The Plant Cell*, 25, 4421–4438.
- Han, J., Lei, Z., Zhang, Y., Yi, X., Zhang, W., & Zhang, Y. (2019). Drought-introduced variability of mesophyll conductance in *Gossypium* and its relationship with leaf anatomy. *Physiologia plantarum*, 166(3), 873-887. doi: 10.1111/ppl.12845.
- Han, Q., Kang, G., & Guo, T. (2013a). Proteomic analysis of spring freeze-stress responsive proteins in leaves of bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Plant Physiology and Biochemistry*, 63, 236-244. Han, S.C.; Tang, R.H.; Anderson, L.K.; Woerner, T.E.; Pei, Z.M. A cell surface receptor mediates extracellular Ca²⁺ sensing in guard cells. *Nature* 2003, 425, 196-200.

- Han, S., Tang, R., Anderson, L. K., Woerner, T. E., & Pei, Z. M. (2003). A cell surface receptor mediates extracellular Ca²⁺ sensing in guard cells. *Nature*, 425(6954), 196-200.
- Hander, T., Fernández-Fernández, Á. D., Kumpf, R. P., Willems, P., Schatowitz, H., Rombaut, D., ... & Gonçalves, A. (2019). Damage on plants activates Ca²⁺-dependent metacaspases for release of immunomodulatory peptides. *Science*, 363(6433).
- Hao, Q., Ren, H., Zhu, J., Wang, L., Huang, S., Liu, Z. A., ... & Shu, Q. (2017). Overexpression of PSK1, a SKP1-like gene homologue, from *Paeonia suffruticosa*, confers salinity tolerance in *Arabidopsis*. *Plant cell reports*, 36(1), 151-162.
- Hao Q, Shang W, Zhang C, Chen H, Chen L, Yuan S, Chen S, Zhang X, Zhou X (2016) Identification and comparative analysis of CBS domain-containing proteins in soybean (*Glycine max*) and the primary function of GmCBS21 in enhanced tolerance to low nitrogen stress. *Int J Mol Sci* 17:620
- Hao, Q., Shang, W., Zhang, C., Chen, H., Chen, L., Yuan, S., ... & Zhou, X. (2016). Identification and comparative analysis of CBS domain-containing proteins in soybean (*Glycine max*) and the primary function of GmCBS21 in enhanced tolerance to low nitrogen stress. *International journal of molecular sciences*, 17(5), 620.
- Hao, Q., Yang, Y., Shan, Z., Chen, H., Zhang, C., Chen, L., ... & Qiu, D. (2020). Genome-Wide Investigation and Expression Profiling Under Abiotic Stresses of a Soybean Unknown Function (DUF21) and Cystathionine- β -Synthase (CBS) Domain-Containing Protein Family. *Biochemical Genetics*, 1-31. <https://doi.org/10.1007/s10528-020-09991-w>
- Hasan, S. A., Hayat, S., Ali, B., & Ahmad, A. (2008). 28-Homobrassinolide protects chickpea (*Cicer arietinum*) from cadmium toxicity by stimulating antioxidants. *Environmental pollution*, 151(1), 60-66.
- He, Y., Cheng, J., He, Y., Yang, B., Cheng, Y., Yang, C., Zhang, H. and Wang, Z. (2019), Influence of isopropylmalate synthase OsIPMS1 on seed vigour associated with amino acid and energy metabolism in rice. *Plant Biotechnol J*, 17: 322-337. <https://doi.org/10.1111/pbi.12979>
- Hedden, P., & Thomas, S. G. (2012). Gibberellin biosynthesis and its regulation. *Biochemical Journal*, 444(1), 11-25. doi: <https://doi.org/10.1042/BJ20120245>
- Hentze, M. W., Castello, A., Schwarzl, T., & Preiss, T. (2018). A brave new world of RNA-binding proteins. *Nature reviews. Molecular cell biology*, 19(5), 327–341. <https://doi.org/10.1038/nrm.2017.130>.
- Herlinger, A. S., Barroso, T., Macedo, A. F., Santa-Catarina, C., Souza, G. H. M. F., Floh, E. I. S., ... & Silveira, V. (2015). Label-free quantitative proteomics of embryogenic and non-embryogenic callus during sugarcane somatic embryogenesis. *PLoS One*, 10(6), e0127803.
- Herman, D. J., Knowles, L. O., & Knowles, N. R. (2017). Heat stress affects carbohydrate metabolism during cold-induced sweetening of potato (*Solanum tuberosum* L.). *Planta*, 245(3), 563-582. doi: 10.1007/s00425-016-2626-z. Epub 2016 Nov 30. PMID: 27904974.
- Hernández, J. A., Barba-Espín, G., and Díaz-Vivancos, P. (2017). “Glutathione-mediated biotic stress tolerance in plants,” in *Glutathione in Plant Growth, Development, and Stress Tolerance*, eds M. A. Hossain, M. G. Mostofa, P. D. Vivancos, D. J. Burritt, M. Fujita, and L. S. P. Tran (Cham: Springer International Publishing), 309–329. doi: 10.1007/978-3-319-66682-2_14
- Hinnebusch, A. G. (2011). Molecular mechanism of scanning and start codon selection in eukaryotes. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 75(3), 434-467. doi: 10.1128/MMBR.00008-11.
- Hodecker, B. E. R., Pita-Barbosa, A., de Barros, N. F., & Merchant, A. (2018). Water availability preceding long-term drought defines the tolerance of *Eucalyptus* to water restriction. *New Forests*, 49(2), 173–195. <https://doi.org/10.1007/s11056-017-9612-6>.

- Hodges M, Dello Y, Keech O, Betti M, Raghavendra AS, Sage R, Zhu XG, Allen DK, Weber APM (2016). Perspectives for a better understanding of the metabolic integration of photorespiration within a complex plant primary metabolism network. *J Exp Bot* 67:3015–3026
- Höfeld, J., Minami, Y., & Hartl, F. U. (1995). Hip, a novel cochaperone involved in the eukaryotic Hsc70/Hsp40 reaction cycle. *Cell*, 83(4), 589-598.
- Holt, B.F., Boyes, D.C., Ellerström, M., Siefers, N., Wiig, A., Kauffman, S., Grant, M.R. and Dangel, J.L. (2002). An evolutionarily conserved mediator of plant disease resistance gene function is required for normal *Arabidopsis* development. *Dev. Cell*, 2, 807–817.
- Hoffmann C, Moes D, Dieterle M, Neumann K, Moreau F, Furtado AT, Dumas D, Steinmetz A, Thomas C (2014). Live cell imaging reveals actin-cytoskeleton-induced self-association of the actin-bundling protein WLIM1. *J Cell Sci* 127:583–598
- Hoffmann, R.D., Olsen, L.I., Ezike, C.V., Pedersen, J.T., Manstretta, R., López-Marqués, R.L. and Palmgren, M. (2019). Roles of plasma membrane proton ATPases *AHA2* and *AHA7* in normal growth of roots and root hairs in *Arabidopsis thaliana*. *Physiol Plantarum*, 166: 848-861. <https://doi.org/10.1111/ppl.12842>.
- Hou, Q., & Bartels, D. (2015). Comparative study of the aldehyde dehydrogenase (*ALDH*) gene superfamily in the glycophyte *Arabidopsis thaliana* and *Eutrema halophytes*. *Annals of botany*, 115(3), 465–479. <https://doi.org/10.1093/aob/mcu152>
- Hu C, Lin SY, Chi WT, Chang YY. Recent gene duplication and subfunctionalization produced a mitochondrial GrpE, the nucleotide exchange factor of the Hsp70 complex, specialized in thermotolerance to chronic heat stress in *Arabidopsis*. *Plant Physiol*. 2012 Feb; 158(2):747-58.
- Hu, W. H., Yan, X. H., Xiao, Y. A., Zeng, J. J., Qi, H. J., & Ogwen, J. O. (2013). 24-Epibrassinosteroid alleviate drought-induced inhibition of photosynthesis in *Capsicum annuum*. *Scientia Horticulturae*, 150, 232-237.
- Huang, L. J., Cheng, G. X., Khan, A., Wei, A. M., Yu, Q. H., Yang, S. B., ... & Gong, Z. H. (2019). *CaHSP16.4*, a small heat shock protein gene in pepper, is involved in heat and drought tolerance. *Protoplasma*, 256(1), 39-51. doi: 10.1007/s00709-018-1280-7.
- Huang, P.K., Chan, P.T., Su, P.H., Chen, L.J., Li, H.M. (2016). Chloroplast Hsp93 directly binds to transit peptides at an early stage of the preprotein import process. *Plant Physiol*. 170: 857–866.
- Huang, S.B., Colmer, T.D. and Millar, A.H. (2008). Does anoxia tolerance involve altering the energy currency towards P_{Pi}? *Trends Plant Sci*. 13, 221–227.
- Huang, W., Pi, L., Liang, W., Xu, B., Wang, H., Cai, R. and Huang, H. (2006). The proteolytic function of the *Arabidopsis* 26S proteasome is required for specifying leaf adaxial identity. *Plant Cell* 18, 2479-2492
- Huh S.U., Kim K., Paek K. (2012). *Capsicum annuum* basic transcription factor 3 (*CaBtf3*) regulates transcription of pathogenesis-related genes during hypersensitive response upon tobacco mosaic virus infection. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, 417, 910–917.
- Huh, S. U., & Paek, K. H. (2014). *APUM5*, encoding a Pumilio RNA binding protein, negatively regulates abiotic stress responsive gene expression. *BMC plant biology*, 14, 75. <https://doi.org/10.1186/1471-2229-14-75>
- Hura, T., Hura, K., Ostrowska, A., Gadzinowska, J., Grzesiak, M. T., Dziurka, K., & Dubas, E. (2018). Rieske iron-sulfur protein of cytochrome-b6f is involved in plant recovery after drought stress. *Environmental and Experimental Botany*, 156, 228-239.
- Hurkman, W. J.; Tanaka, C. K. (1986). Solubilization of plant membrane proteins for analysis by two-dimensional gel electrophoresis. *Plant Physiology, Lancaster*, v.81, p.802-806.

- Hurth, M. A., Suh, S. J., Kretzschmar, T., Geis, T., Bregante, M., Gambale, F., et al. (2005). Impaired pH homeostasis in *Arabidopsis* lacking the vacuolar dicarboxylate transporter and analysis of carboxylic acid transport across the tonoplast. *Plant Physiol.* 137, 901–910. doi: 10.1104/pp.104.058453
- Hussain, R. M., Ali, M., Feng, X., & Li, X. (2017). The essence of NAC gene family to the cultivation of drought-resistant soybean (*Glycine max* L. Merr.) cultivars. *BMC plant biology*, 17(1), 1-11.
- Hussey PJ, Ketelaar T, Deeks MJ. (2006). Control of the actin cytoskeleton in plant cell growth. *Annu Rev Plant Biol.* 2006;57:109-25. doi: 10.1146/annurev.arplant.57.032905.105206. PMID: 16669757.
- Hýšková V, Plisková V, Červený V, Ryšlavá H (2017). NADP-dependent enzymes are involved in response to salt and hypoosmotic stress in cucumber plants. *Gen Physiol Biophys* 36: 247–258
- Hýšková, V. D., Miedzińska, L., Dobrá, J., Vankova, R., & Ryšlavá, H. (2014). Phosphoenolpyruvate carboxylase, NADP-malic enzyme, and pyruvate, phosphate dikinase are involved in the acclimation of *Nicotiana tabacum* L. to drought stress. *Journal of Plant Physiology*, 171(5), 19-25.
- IBÁ - Indústria Brasileira de Árvores. (2017). Relatório 2017, 80. <https://doi.org/10.1088/1751-8113/44/8/085201>
- IBÁ - Indústria Brasileira de Árvores. (2019). Relatório 2019 Report 2019. Livro, 80.
- IBGE (2006). IBGE-Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística, Censo Agropecuário2006. Available online: <http://www.ibge.gov.br> (accessed on 13 March 2020).
- IBGE. (2017). Pesquisa da Produção da Extração Vegetal e da Silvicultura (Pevs). Pevc, 32, 12. https://biblioteca.ibge.gov.br/visualizacao/periodicos/74/pevs_2017_v32_informativo.pdf
- Igamberdiev, A. U., & Bykova, N. V. (2018). Role of organic acids in the integration of cellular redox metabolism and mediation of redox signalling in photosynthetic tissues of higher plants. *Free radical biology & medicine*, 122, 74–85. <https://doi.org/10.1016/j.freeradbiomed.2018.01.016>
- Ijaz, R., Ejaz, J., Gao, S. et al. (2017). Overexpression of annexin gene *AnnSp2*, enhances drought and salt tolerance through modulation of ABA synthesis and scavenging ROS in tomato. *Sci Rep* 7, 12087 <https://doi.org/10.1038/s41598-017-11168-2>
- Inaba, T., Alvarez-Huerta, M., Li, M., Bauer, J., Ewers, C., Kessler, F., & Schnell, D. J. (2005). *Arabidopsis* *tic110* is essential for the assembly and function of the protein import machinery of plastids. *The Plant cell*, 17(5), 1482–1496. <https://doi.org/10.1105/tpc.105.030700>
- Informações sobre madeiras. Instituto de Pesquisas Tecnológicas (IPT), 2020. Disponível em: http://www.ipt.br/informacoes_madeiras3.php?madeira=13. Acesso em: 15 de abril de 2020.
- Inoue, H., Li, M., Schnell, D.J. (2013). An essential role for chloroplast heat shock protein 90 (Hsp90C) in protein import into chloroplasts. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 110: 3173–3178.
- IPCC, 2018: Global Warming of 1.5°C. An IPCC Special Report on the impacts of global warming of 1.5°C above pre-industrial levels and related global greenhouse gas emission pathways, in the context of strengthening the global response to the threat of climate change, sustainable development, and efforts to eradicate poverty [Masson-Delmotte, V., P. Zhai, H.-O. Pörtner, D. Roberts, J. Skea, P.R. Shukla, A. Pirani, W. Moufouma-Okia, C. Péan, R. Pidcock, S. Connors, J.B.R. Matthews, Y. Chen, X. Zhou, M.I. Gomis, E. Lonnoy, T. Maycock, M. Tignor, and T. Waterfield (eds.)]. In Press
- Itoh, N., Iwata, C., & Toda, H. (2016). Molecular cloning and characterization of a flavonoid-O-methyltransferase with broad substrate specificity and regioselectivity from *Citrus depressa*. *BMC plant biology*, 16(1), 180. <https://doi.org/10.1186/s12870-016-0870-9>

- IUFRO. (2018). Eucalyptus 2018: Managing Eucalyptus plantations under global changes. In *Managing Eucalyptus plantations under global changes* (Issue September). <https://agritrop.cirad.fr/589039/1/ID589039.pdf>
- Jahan, N., Khalil-Ur-Rahman, A. S., & Asi, M. R. (2013). Phenolic acid and flavonol contents of gemmo-modified and native extracts of some indigenous medicinal plants. *Pak J Bot*, 45(5), 1515-1519. Jahns P, Graf M, Munekage Y, Shikanai T. Single point mutation in the Rieske iron-sulfur subunit of cytochrome b6/f leads to an altered pH dependence of plastoquinol oxidation in Arabidopsis. *FEBS Lett*. 2002 May 22;519(1-3):99-102. doi: 10.1016/s0014-5793(02)02719-9. PMID: 12023025.
- Janiak, A., Kwaśniewski, M., & Szarejko, I. (2016). Gene expression regulation in roots under drought. *Journal of experimental botany*, 67(4), 1003-1014. doi: 10.1093/jxb/erv512.
- Jelakovic S, Kopriva S, Suss KH, Schulz GE (2003). Structure and catalytic mechanism of the cytosolic D-ribulose-5-phosphate 3-epimerase from rice. *J Mol Biol* 326:127-135.
- Jia, M., Wu, H., Clay, K. L., Jung, R., Larkins, B. A., & Gibbon, B. C. (2013). Identification and characterization of lysine-rich proteins and starch biosynthesis genes in the opaque2 mutant by transcriptional and proteomic analysis. *BMC plant biology*, 13(1), 60. Jiang, J., Ballinger, C. A., Wu, Y., Dai, Q., Cyr, D. M., Höhfeld, J., & Patterson, C. (2001). CHIP is a U-box-dependent E3 ubiquitin ligase identification of Hsc70 as a target for ubiquitylation. *Journal of Biological Chemistry*, 276(46), 42938-42944. doi: 10.1074/jbc.M101968200.
- Jiang, D., Zhou, L., Chen, W. et al. (2019a). Overexpression of a microRNA-targeted NAC transcription factor improves drought and salt tolerance in Rice via ABA-mediated pathways. *Rice* 12, 76 <https://doi.org/10.1186/s12284-019-0334-6>
- Jiang, J., & Clouse, S. D. (2001). Expression of a plant gene with sequence similarity to animal TGF- β receptor interacting protein is regulated by brassinosteroids and required for normal plant development. *The Plant Journal*, 26(1), 35-45. Jiang, Y. P., Cheng, F., Zhou, Y. H., Xia, X. J., Mao, W. H., Shi, K., Chen, Z. X., & Yu, J. Q. (2012). Hydrogen peroxide functions as a secondary messenger for brassinosteroids-induced CO₂ assimilation and carbohydrate metabolism in *Cucumis sativus*. *Journal of Zhejiang University. Science. B*, 13(10), 811–823. <https://doi.org/10.1631/jzus.B1200130>
- Jiang, Z., Zhou, X., Tao, M., Yuan, F., Liu, L., Wu, F., ... & Li, C. (2019b). Plant cell-surface GIPC sphingolipids sense salt to trigger Ca²⁺ influx. *Nature*, 572(7769), 341-346. Jin, Y., Zhang, C., Liu, W., Qi, H., Chen, H., & Cao, S. (2014). The cinnamyl alcohol dehydrogenase gene family in melon (*Cucumis melo* L.): bioinformatic analysis and expression patterns. *PloS one*, 9(7), e101730. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0101730>
- Jin, Y., Zhang, C., Liu, W., Qi, H., Chen, H., & Cao, S. (2014). The cinnamyl alcohol dehydrogenase gene family in melon (*Cucumis melo* L.): bioinformatic analysis and expression patterns. *PloS one*, 9(7), e101730.
- Jing, K., Takano, T., Shenkui, L., & Yuanyuan, B. (2016). Molecular cloning, expression, and purification of a urease accessory protein UreG of *Arabidopsis thaliana*. *Molecular Soil Biology*, 7.
- Johnsen, U., & Schönheit, P. (2007). Characterization of cofactor-dependent and cofactor-independent phosphoglycerate mutases from Archaea. *Extremophiles : life under extreme conditions*, 11(5), 647–657. <https://doi.org/10.1007/s00792-007-0094-x>
- Jutsz, A. M. , & Gnida, A. (2015). Mechanisms of stress avoidance and tolerance by plants used in phytoremediation of heavy metals. *Archives of Environmental Protection* , 41 (4), 104–114. <https://doi.org/10.1515/aep-2015-0045>

- Kagiyama, M., Hirano, Y., Mori, T., Kim, S.-Y., Kyojuka, J., Seto, Y., Yamaguchi, S. and Hakoshima, T. (2013). Structures of D14 and D14L in the strigolactone and karrikin signaling pathways. *Genes Cells*, 18: 147-160. <https://doi.org/10.1111/gtc.12025>.
- Kang L, Kim HS, Kwon YS, Ke Q, Ji CY, Park SC, Lee HS, Deng X, Kwak SS. (2017). IbOr regulates photosynthesis under heat stress by stabilizing IbPsbP in sweetpotato. *Frontiers in Plant Science* 8, 989
- Karali, D., Oxley, D., Runions, J., Ktistakis, N., & Farmaki, T. (2012). The *Arabidopsis thaliana* immunophilin ROF1 directly interacts with PI(3)P and PI(3,5)P2 and affects germination under osmotic stress. *PloS one*, 7(11), e48241. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0048241>
- Karuppanapandian, T., Moon, J. C., Kim, C., Manoharan, K., & Kim, W. (2011). Reactive oxygen species in plants: their generation, signal transduction, and scavenging mechanisms. *Australian Journal of Crop Science*, 5(6), 709.
- Katano, M., Takahashi, K., Hirano, T., Kazama, Y., Abe, T., Tsukaya, H., & Ferjani, A. (2016). Suppressor Screen and Phenotype Analyses Revealed an Emerging Role of the Monofunctional Peroxisomal Enoyl-CoA Hydratase 2 in Compensated Cell Enlargement. *Frontiers in plant science*, 7, 132. <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.00132>
- Kerbler, S.M., Taylor, N.L. and Millar, A.H. (2019). Cold sensitivity of mitochondrial ATP synthase restricts oxidative phosphorylation in *Arabidopsis thaliana*. *New Phytol*, 221: 1776-1788. <https://doi.org/10.1111/nph.15509>
- Khanum, Z., Tiznado-Hernández, M. E., Ali, A., Musharraf, S. G., Shakeel, M., & Khan, I. A. (2020). Adaptation mechanism of mango fruit (*Mangifera indica* L. cv. Chaunsa White) to heat suggest modulation in several metabolic pathways. *RSC Advances*, 10(58), 35531-35544.
- Khoza, T. G; Dubery, I. A; Piater, L. A. (2019). Identification of Candidate Ergosterol-Responsive Proteins Associated with the Plasma Membrane of *Arabidopsis thaliana*. *Int. J. Mol. Sci.* 2019, 20, 1302, doi:10.3390/ijms20061302
- Khumsupan, Panupon. Characterising the roles of the members of the nuclear-encoded Rubisco small subunit family in *Arabidopsis thaliana*. 2020. 203p. Tese (Ph.D.) - Institute of Molecular Plant Sciences The University of Edinburgh, Edinburgh, 2020.
- Kim HS, Ji CY, Lee CJ, Kim SE, Park SC, Kwak SS. (2018). Orange: a target gene for regulating carotenoid homeostasis and increasing plant tolerance to environmental stress in marginal lands. *Journal of Experimental Botany* 69, 3393-3400
- Kim J.S, Park H-M, Chae S, Lee T-H, Hwang D-J, Oh S-D, et al. (2014). A Pepper MSRB2 Gene Confers Drought Tolerance in Rice through the Protection of Chloroplast-Targeted Genes. *PLoS ONE* 9(3): e90588. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0090588>
- Kim, S. R., Yang, J. I., & An, G. (2013). OsCpn60 α 1, encoding the plastid chaperonin 60 α subunit, is essential for folding of rbcL. *Molecules and cells*, 35(5), 402-409. doi: 10.1007/s10059-013-2337-2.
- Kirch, H. H., Bartels, D., Wei, Y., Schnable, P. S., & Wood, A. J. (2004). The ALDH gene superfamily of *Arabidopsis*. *Trends in plant science*, 9(8), 371–377. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2004.06.004>
- Kirstein-Miles, J., Scior, A., Morimoto, R.I. (2013), The nascent polypeptide-associated complex is a key regulator of proteostasis *EMBO Journal*, 32, pp. 1451-1468
- Kitakura, S., Vanneste, S., Robert, S., Löffke, C., Teichmann, T., Tanaka, H., & Friml, J. (2011). Clathrin mediates endocytosis and polar distribution of PIN auxin transporters in *Arabidopsis*. *The Plant cell*, 23(5), 1920–1931. <https://doi.org/10.1105/tpc>
- Kiyota, E., Pena, I. A., & Arruda, P. (2015). The saccharopine pathway in seed development and stress response of maize. *Plant, cell & environment*, 38(11), 2450-2461.

- Klose, J. (1975). Protein mapping by combined isoelectric focusing and electrophoresis of mouse tissues. A novel approach to testing for induced point mutations in mammals. *Humangenetik*, Berlin, v. 26, n. 3, p. 231-243
- Kneeshaw, S., Keyani, R., Delorme-Hinoux, V., Imrie, L., Loake, G. J., Le Bihan, T., Reichheld, J. P., & Spoel, S. H. (2017). Nucleoredoxin guards against oxidative stress by protecting antioxidant enzymes. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 114(31), 8414–8419. <https://doi.org/10.1073/pnas.1703344114>
- Kobiyama, M. et al. *Prevenção de desastres naturais: conceitos básicos*. Curitiba: Organic Trading, 2006. 109 p.
- Koizumi, S., Ohama, N., Mizoi, J., Shinozaki, K., & Yamaguchi-Shinozaki, K. (2014). Functional analysis of the Hikeshi-like protein and its interaction with HSP70 in Arabidopsis. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, 450, 396–400. [10.1016/j.bbrc.2014.05.128](https://doi.org/10.1016/j.bbrc.2014.05.128)
- Kolli, R., Engstler, C., Akbaş, Ş., Mower, J. P., Soll, J., & Carrie, C. (2020). The OXA2a Insertase of Arabidopsis Is Required for Cytochrome c Maturation. *Plant Physiology*, 184(2), 1042-1055. doi: 10.1104/pp.19.01248.
- Kopriva, S., Koprivova, A., & Süß, K. H. (2000). Identification, cloning, and properties of cytosolic D-ribulose-5-phosphate 3-epimerase from higher plants. *Journal of Biological Chemistry*, 275(2), 1294-1299. doi: 10.1074/jbc.275.2.1294.
- Koroleva, O. A.; Brown, J. W.; Shaw, P. J. (2009a). Localization of eIF4A-III in the nucleolus and splicing speckles is an indicator of plant stress. *Plant Signal Behav* 4:1148–1151
- Koroleva, O. A.; Calder, G.; Pendle, A.F.; Kim, S.H.; Lewandowska, D.; Simpson, C.G.; Jones, I.M.; Brown, J.W.; Shaw, P.J. (2009b). Dynamic behavior of Arabidopsis eIF4A-III, putative core protein of exon junction complex: fast relocation to nucleolus and splicing speckles under hypoxia. *Plant Cell* 21:1592–1606
- Korver, R. A., Koevoets, I. T., & Testerink, C. (2018). Out of Shape During Stress: A Key Role for Auxin. *Trends in plant science*, 23(9), 783–793. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2018.05.011>
- Kosová, K., Vítámvás, P., Planchon, S., Renaut, J., Vanková, R., & Prášil, I. T. (2013). Proteome analysis of cold response in spring and winter wheat (*Triticum aestivum*) crowns reveals similarities in stress adaptation and differences in regulatory processes between the growth habits. *Journal of Proteome Research*, 12(11), 4830-4845. doi: 10.1021/pr400600g.
- Kosová, K.; Vítámvás, P.; Prášil, I.T.; Renaut, J. (2011). Plant proteome changes under abiotic stress-Contribution of proteomics studies to understanding plant stress response. *J. Proteom* 2011, 74, 1301–1322.
- Kosová, K.; Vítámvás, P.; Urban, M.O.; Prášil, I.T.; Renaut, J. (2018). Plant abiotic stress proteomics: The major factors determining alterations in cellular proteome. *Front. Plant Sci.* 2018, 9, 122.
- Kotak, S., Larkindale, J., Lee, U., von Koskull-Döring, P., Vierling, E., & Scharf, K. D. (2007). Complexity of the heat stress response in plants. *Current opinion in plant biology*, 10(3), 310-316. Kotchoni, S. O., Kuhns, C., Ditzer, A., Kirch, H. H., & Bartels, D. (2006). Over-expression of different aldehyde dehydrogenase genes in Arabidopsis thaliana confers tolerance to abiotic stress and protects plants against lipid peroxidation and oxidative stress. *Plant, cell & environment*, 29(6), 1033–1048. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3040.2005.01458.x>
- Kudla, J., Batistič, O., & Hashimoto, K. (2010). Calcium signals: the lead currency of plant information processing. *The Plant Cell*, 22(3), 541-563. Kuhn, A., Engqvist, M.K.M., Jansen, E.E.W., Weber, A.P.M., Jakobs, C. and Maurino, V.G. (2013), D-2-hydroxyglutarate metabolism is linked to photorespiration in the shm1-1 mutant. *Plant Biol J*, 15: 776-784. <https://doi.org/10.1111/plb.12020>

- Kuhn, A., Engqvist, M. K. M., Jansen, E. E. W., Weber, A. P. M., Jakobs, C. A. J. M., & Maurino, V. G. (2013). D-2-hydroxyglutarate metabolism is linked to photorespiration in the *shm1-1* mutant. *Plant Biology*, 15(4), 776-784.
- Kukreja, S., Nandwal, A. S., Kumar, N., Sharma, S. K., Unvi, V., & Sharma, P. K. (2005). Plant water status, H₂O₂ scavenging enzymes, ethylene evolution and membrane integrity of *Cicer arietinum* roots as affected by salinity. *Biologia Plantarum*, 49(2), 305-308.
- Kumar, A. , & Prasad, M. N. V. (2018). Plant-lead interactions: Transport, toxicity, tolerance, and detoxification mechanisms. *Ecotoxicology and Environmental Safety* , 166 , 401–418. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2018.09.113>
- Kumari, S., Roy, S., Singh, P., Singla-Pareek, S. L., & Pareek, A. (2013). Cyclophilins: proteins in search of function. *Plant signaling & behavior*, 8(1), e22734. <https://doi.org/10.4161/psb.22734>
- Kushwaha HR, Singh AK, Sopory SK, Singla-Pareek SL, Pareek A (2009). Genome wide expression analysis of CBS domain containing proteins in *Arabidopsis thaliana* (L.) Heynh and *Oryza sativa* L. reveals their developmental and stress regulation. *BMC Genom* 10:200
- Lapaille, M., Thiry, M., Perez, E., González-Halphen, D., Remacle, C., & Cardol, P. (2010). Loss of mitochondrial ATP synthase subunit beta (*Atp2*) alters mitochondrial and chloroplastic function and morphology in *Chlamydomonas*. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Bioenergetics*, 1797(8), 1533-1539.
- Laporte, M. M., Shen, B., and Tarczynski, M. C. (2002). Engineering for drought avoidance: expression of maize NADP-malic enzyme in tobacco results in altered stomatal function. *J. Exp. Bot.* 53, 699–705. doi: 10.1093/jexbot/53.369.699
- Larcher, W. (2003). *Physiological plant ecology*. 4th edition. Berlin, Heidelberg: Springer Verlag.
- Larson, E. R., Van Zelm, E., Roux, C., Marion-Poll, A., & Blatt, M. R. (2017). Clathrin Heavy Chain Subunits Coordinate Endo- and Exocytic Traffic and Affect Stomatal Movement. *Plant physiology*, 175(2), 708–720. <https://doi.org/10.1104/pp.17.00970>
- Laterre R, Pottier M, Remacle C, Boutry M (2017). Photosynthetic Trichomes Contain a Specific Rubisco with a Modified pH-Dependent Activity. *Plant Physiol* 173:2110– 2120.
- Laxa, M., Liebthal, M., Telman, W., Chibani, K., & Dietz, K.-J. (2019). The Role of the Plant Antioxidant System in Drought Tolerance. *Antioxidants*, 8(4), 94. <https://doi.org/10.3390/antiox8040094>
- Lazenby, M. J., Todd, M. C., Chadwick, R., & Wang, Y. (2018). Future precipitation projections over central and southern Africa and the adjacent Indian Ocean: What causes the changes and the uncertainty?. *Journal of Climate*, 31(12), 4807-4826.
- Le Gall, H., Philippe, F., Domon, J. M., Gillet, F., Pelloux, J., & Rayon, C. (2015). Cell wall metabolism in response to abiotic stress. *Plants*, 4(1), 112-166. doi: 10.3390/plants4010112.
- Lecompte O, Ripp R, Thierry J-C, Moras D, Poch O (2002) Comparative analysis of ribosomal proteins in complete genomes: an example of reductive evolution at the domain scale. *Nucleic Acids Res* 30:5382–5390
- Lee, A., Lee, S. S., Jung, W. Y., Park, H. J., Lim, B. R., Kim, H. S., ... & Cho, H. S. (2016). The *OsCYP19-4* gene is expressed as multiple alternatively spliced transcripts encoding isoforms with distinct cellular localizations and PPIase activities under cold stress. *International journal of molecular sciences*, 17(7), 1154. doi: 10.3390/ijms17071154.
- Leonardi, A. G.; Carlos, N. A.; Mazzafera, P.; Balbuena, T. S. (2015) *Eucalyptus urograndis* stem proteome is responsive to short-term cold stress. *Genetics and Molecular Biology*, 38(2), 191–198. <https://doi.org/10.1590/S1415-475738220140235>.

- Leucci, M. R., Lenucci, M. S., Piro, G., & Dalessandro, G. (2008). Water stress and cell wall polysaccharides in the apical root zone of wheat cultivars varying in drought tolerance. *Journal of plant physiology*, 165(11), 1168-1180.
- Levitt, J. (1980). Responses of plants to environmental stress. chilling, freezing and high temperature stresses. 2nd edition. New York, USA: Academic Press
- Li B.H., Li G.J., Kronzucker H.J., Baluska F., Shi W.M. (2014). Ammonium stress in Arabidopsis: signaling, genetic loci, and physiological targets. *Trends Plant Sci.* 19: 107–114.
- Li, H., Li, Z., Shen, Z.J. et al. (2020b). Physiological and proteomic responses of mangrove plant *Avicennia marina* seedlings to simulated periodical inundation. *Plant Soil* 450, 231–254 <https://doi.org/10.1007/s11104-020-04474-8>
- Li, L., Li, Y., Wang, N. N., Li, Y., Lu, R., & Li, X. B. (2015). Cotton LIM domain-containing protein Gh PLIM 1 is specifically expressed in anthers and participates in modulating F-actin. *Plant Biology*, 17(2), 528-534.
- Li, S., Mhamdi, A., Clement, C., Jolivet, Y., & Noctor, G. (2013c). Analysis of knockout mutants suggests that Arabidopsis NADP-MALIC ENZYME2 does not play an essential role in responses to oxidative stress of intracellular or extracellular origin. *Journal of experimental botany*, 64(12), 3605–3614. <https://doi.org/10.1093/jxb/ert194>
- Li, X. W., Zhu, Y. L., Chen, C. Y., Geng, Z. J., Li, X. Y., Ye, T. T., ... & Du, F. (2020a). Cloning and characterization of two chlorophyll A/B binding protein genes and analysis of their gene family in *Camellia sinensis*. *Scientific reports*, 10(1), 1-9. <https://doi.org/10.1038/s41598-020-61317-3>
- Li, X., Zhang, Q., Yang, X., Han, J., & Zhu, Z. (2019b). OsANN3, a calcium-dependent lipid binding annexin is a positive regulator of ABA-dependent stress tolerance in rice. *Plant science : an international journal of experimental plant biology*, 284, 212–220. <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2019.04.019>
- Li, Y., Jiang, J., Li, L., Wang, X. L., Wang, N. N., Li, D. D., & Li, X. B. (2013b). A cotton LIM domain-containing protein (GhWLIM5) is involved in bundling actin filaments. *Plant physiology and biochemistry*, 66, 34-40.
- Li, Y., Liu, Y., & Zolman, B. K. (2019a). Metabolic Alterations in the Enoyl-CoA Hydratase 2 Mutant Disrupt Peroxisomal Pathways in Seedlings. *Plant physiology*, 180(4), 1860–1876. <https://doi.org/10.1104/pp.19.00300>
- Li, Z., Hartl, F. & Bracher, A. (2013a). Structure and function of Hip, an attenuator of the Hsp70 chaperone cycle. *Nat Struct Mol Biol* 20, 929–935 <https://doi.org/10.1038/nsmb.2608>
- Liang, J., Xia, L., Oyang, L., Lin, J., Tan, S., Yi, P., ... & Pan, Q. (2020). The functions and mechanisms of prefoldin complex and prefoldin-subunits. *Cell & Bioscience*, 10(1), 1-15. <https://doi.org/10.1186/s13578-020-00446-8>
- Liao, C., Zheng, Y., & Guo, Y. (2017). MYB30 transcription factor regulates oxidative and heat stress responses through ANNEXIN-mediated cytosolic calcium signaling in Arabidopsis. *The New phytologist*, 216(1), 163–177. <https://doi.org/10.1111/nph.14679>
- Liberles, J. S., Thórolfsson, M., & Martínez, A. (2005). Allosteric mechanisms in ACT domain containing enzymes involved in amino acid metabolism. *Amino acids*, 28(1), 1–12. <https://doi.org/10.1007/s00726-004-0152-y>
- Lim, H., Cho, M.H., Bhoo, S.H. and Hahn, T.R. (2014). Pyrophosphate: fructose-6-phosphate 1-phosphotransferase is involved in the tolerance of Arabidopsis seedlings to salt and osmotic stresses. *In Vitro Cell Dev-Pl.* 50, 84–91.
- Lim, S., Glover, D. J., & Clark, D. S. (2018). Prefoldins in Archaea. In *Prefoldins: the new chaperones* (pp. 11-23). Springer, Cham.
- Lin, D., Zhang, L., Mei, J., Chen, J., Piao, Z., Lee, G. and Dong, Y. (2019), Mutation of the rice TCM12 gene encoding 2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase affects chlorophyll synthesis, photosynthesis and

- chloroplast development at seedling stage at low temperatures. *Plant Biol J*, 21: 585-594. <https://doi.org/10.1111/plb.12978>
- Lin, Y. S. (2012). How will Eucalyptus tree species respond to global climate change?: a comparison of temperature responses of photosynthesis. PhD Thesis, University of Western Sydney. 185 pp.
- Liu H, Lau E, Lam MP et al (2010). OsNOA1/RIF1 is a functional homolog of AtNOA1/RIF1: implication for a highly conserved plant cGTPase essential for chloroplast function. *New Phytol* 187:83–105
- Liu, H., Ma, X., Liu, S., Du, B., Cheng, N., Wang, Y., & Zhang, Y. (2020). The *Nicotiana tabacum* L. major latex protein-like protein 423 (NtMLP423) positively regulates drought tolerance by ABA-dependent pathway. *BMC plant biology*, 20(1), 1-14.
- Liu, H., Ma, X., Liu, S., Du, B., Cheng, N., Wang, Y., & Zhang, Y. (2020). The *Nicotiana tabacum* L. major latex protein-like protein 423 (NtMLP423) positively regulates drought tolerance by ABA-dependent pathway. *BMC plant biology*, 20(1), 1-14. <https://doi.org/10.1186/s12870-020-02690-z>
- Liu, L., & Wang, M. H. (2013). Cloning, expression, and characterization of a methionine sulfoxide reductase B gene from *Nicotiana tabacum*. *The Protein Journal*, 32(7), 543-550.
- Liu, MY., Tang, D., Shi, Y. et al. (2019a). Short-term inhibition of glutamine synthetase leads to reprogramming of amino acid and lipid metabolism in roots and leaves of tea plant (*Camellia sinensis* L.). *BMC Plant Biol* 19, 425 <https://doi.org/10.1186/s12870-019-2027-0>
- Liu, N., Xue, Y., Guo, Z., Li, W., & Tang, J. (2016). Genome-Wide Association Study Identifies Candidate Genes for Starch Content Regulation in Maize Kernels. *Frontiers in plant science*, 7, 1046. <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.01046>
- Liu, Q., Luo, L., & Zheng, L. (2018). Lignins: Biosynthesis and Biological Functions in Plants. *International journal of molecular sciences*, 19(2), 335. <https://doi.org/10.3390/ijms19020335>
- Liu, Y., Mauve, C., Lamothe-Sibold, M., Guérard, F., Glab, N., Hodges, M., & Jossier, M. (2019b). Photorespiratory serine hydroxymethyltransferase 1 activity impacts abiotic stress tolerance and stomatal closure. *Plant, cell & environment*, 42(9), 2567-2583. <https://doi.org/10.1111/pce.13595>
- Locascio, A., Blázquez, M. A., & Alabadi, D. (2013). Dynamic regulation of cortical microtubule organization through prefoldin-DELLA interaction. *Current Biology*, 23(9), 804-809.
- Loreti, E., van Veen, H., & Perata, P. (2016). Plant responses to flooding stress. *Current Opinion in Plant Biology*, 33, 64-71.
- Lothier, J., Gaufichon, L., Sormani, R., Lemaître, T., Azzopardi, M., Morin, H., ... & Masclaux-Daubresse, C. (2011). The cytosolic glutamine synthetase GLN1; 2 plays a role in the control of plant growth and ammonium homeostasis in *Arabidopsis* rosettes when nitrate supply is not limiting. *Journal of experimental botany*, 62(4), 1375-1390. doi: 10.1093/jxb/erq299.
- Lü, H., Li, J., Huang, Y., Zhang, M., Zhang, S., & Wu, J. (2019). Genome-wide identification, expression and functional analysis of the phosphofructokinase gene family in Chinese white pear (*Pyrus bretschneideri*). *Gene*, 702, 133-142.
- Lundin, V. F., Leroux, M. R., & Stirling, P. C. (2010). Quality control of cytoskeletal proteins and human disease. *Trends in biochemical sciences*, 35(5), 288-297.
- Lyons, R., Iwase, A., Gänsewig, T., Sherstnev, A., Duc, C., Barton, G. J., Hanada, K., Higuchi-Takeuchi, M., Matsui, M., Sugimoto, K., Kazan, K., Simpson, G. G., & Shirasu, K. (2013). The RNA-binding protein FPA regulates flg22-triggered defense responses and transcription factor activity by alternative polyadenylation. *Scientific reports*, 3, 2866. <https://doi.org/10.1038/srep02866>

- Macedo, A. F. (2012). Abiotic stress responses in plants: metabolism to productivity. In *Abiotic stress responses in plants* (pp. 41-61). Springer, New York, NY.
- Mahmud, J. , Al Hasanuzzaman, M. , Nahar, K. , Bhuyan, M. H. M. B. , & Fujita, M. (2018). Insights into citric acid-induced cadmium tolerance and phytoremediation in *Brassica juncea* L.: Coordinated functions of metal chelation, antioxidant defense and glyoxalase systems. *Ecotoxicology and Environmental Safety* , 147 , 990–1001. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2017.09.045>
- Malavasi, U. C., Davis, A. S., & Malavasi, M. D. M. (2016). Lignin in woody plants under water stress: a review. *Floresta e Ambiente*, 23(4), 589-597. <http://dx.doi.org/10.1590/2179-8087.143715>.
- Mallick, S.R., Jadhao, K.R. & Rout, G.R. (2020). Overexpression of annexin gene in rice (*Oryza sativa* L.) for salinity and water stress. *In Vitro Cell.Dev.Biol.-Plant*. <https://doi.org/10.1007/s11627-020-10108-6>
- Mano J., Biswas M.S. & Sugimoto K. (2019). Reactive carbonyl species: A missing link in ROS signaling. *Plants* 8, 391.
- Mansilla, N., Racca, S., Gras, D. E., Gonzalez, D. H., & Welchen, E. (2018). The Complexity of Mitochondrial Complex IV: An Update of Cytochrome c Oxidase Biogenesis in Plants. *International journal of molecular sciences*, 19(3), 662. <https://doi.org/10.3390/ijms19030662>
- Mao, Y.Q. and Houry, W.A. (2017). The role of Pontin and Reptin in cellular physiology and cancer etiology. *Front. Mol. Biosci.* 4, 58.
- March-Díaz, R., & Reyes, J. C. (2009). The beauty of being a variant: H2A. Z and the SWR1 complex in plants. *Molecular plant*, 2(4), 565-577. doi: 10.1093/mp/ssp019 (2009).
- Marrs, K. A. (1996). The functions and regulation of glutathione S-transferases in plants. *Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol.* 47, 127–158. doi: 10.1146/annurev.arplant.47.1.127
- Martinez-Meier, A.; Sanchez, L.; Dalla Salda, G.; Pastorino, M. J.; Gautry, J. Y.; Gallo, L. A.; Rozenberg, P. Genetic control of Douglas-fir (*Pseudotsuga menziesii* (Mirb.) Franco) tree-ring response to the 2003 heat-wave in France. *Annals of Forest Sciences* 65, 1. Available in: www.afs-journal.org. (2008).
- Martins, I. S.; Martins, R. de C. C.; Correia, H. de S. (2001) Comparação entre seleção combinada e seleção direta em *Eucalyptus grandis*, sob diferentes intensidades de seleção. *Floresta e Ambiente*, v.8, p.36-43.
- Maruta, T., Inoue, T., Noshi, M., Tamoi, M., Yabuta, Y., Yoshimura, K., ... & Shigeoka, S. (2012). Cytosolic ascorbate peroxidase 1 protects organelles against oxidative stress by wounding-and jasmonate-induced H₂O₂ in *Arabidopsis* plants. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-General Subjects*, 1820(12), 1901-1907.
- Maseda, P. H., & Fernández, R. J. (2016). Growth potential limits drought morphological plasticity in seedlings from six *Eucalyptus* provenances. *Tree physiology*, 36(2), 243-251.
- Matias, P.M., Gorynia, S., Donner, P. and Carrondo, M.A. (2006). Crystal structure of the human AAA+ protein RuvBL1. *J. Biol. Chem.* 281, 38918–38929.
- Maurino V.G., Peterhänsel C. (2010). Photorespiration: current status and approaches for metabolic engineering. *Current Opinion in Plant Biology*, 13, 248–255.
- McIntosh, K. B., & Bonham-Smith, P. C. (2005). The two ribosomal protein L23A genes are differentially transcribed in *Arabidopsis thaliana*. *Genome*, 48(3), 443–454. <https://doi.org/10.1139/g05-007>
- Megias, E., do Carmo, L. S. T., Nicolini, C., Silva, L. P., Blawid, R., Nagata, T., & Mehta, A. (2018). Chloroplast proteome of *nicotiana benthamiana* infected by Tomato Blistering mosaic virus. *The protein journal*, 37(3), 290-299. <https://doi.org/10.1007/s10930-018-9775-9>

- Mehling, M. (2020). "Investigating Photosynthetic Stability: Relation Between Thylakoid Lipid Content and the Stability of the Cytochrome b6/f Complex," *The Journal of Purdue Undergraduate Research*: Vol. 10, Article 15. DOI: <https://doi.org/10.7771/2158-4052.1463>.
- Meireles, K. G. X. (2007). Aplicações da proteômica na pesquisa vegetal. Embrapa Gado de Corte-Documentos (INFOTECA-E).
- Meiri, D., Tazat, K., Cohen-Peer, R., Farchi-Pisanty, O., Aviezer-Hagai, K., Avni, A., & Breiman, A. (2010). Involvement of Arabidopsis ROF2 (FKBP65) in thermotolerance. *Plant molecular biology*, 72(1-2), 191. doi: 10.1007/s11103-009-9561-3. Epub 2009 Oct 29. PMID: 19876748.
- Mengin-Lecreulx, D., & van Heijenoort, J. (1996). Characterization of the essential gene glmM encoding phosphoglucosamine mutase in *Escherichia coli*. *Journal of Biological Chemistry*, 271(1), 32-39.
- Metaboanalyst Analysis Report. 2020. Disponível em: <<https://www.metaboanalyst.ca/docs/Faqs.xhtml#image>>. Acesso em 12 de novembro de 2020.
- Meyers, B. C., Dickerman, A. W., Michelmore, R. W., Sivaramakrishnan, S., Sobral, B. W., & Young, N. D. (1999). Plant disease resistance genes encode members of an ancient and diverse protein family within the nucleotide-binding superfamily. *The Plant Journal*, 20(3), 317-332.
- Mignolet-Spruyt, L., Xu, E., Idänheimo, N., Hoerberichts, F. A., Mühlenbock, P., Brosché, M., Van Breusegem, F., Kangasjärvi, J. (2016). Spreading the news: subcellular and organellar reactive oxygen species production and signalling. *Journal of experimental botany*, 67(13), 3831-3844. <https://doi.org/10.1093/jxb/erw080>
- Miranda, A.C. Produtividade, estabilidade e adaptabilidade em progênies de *Eucalyptus grandis*. 2012. 56 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Ciência Florestal, FCA, Unesp, Botucatu, 2012
- Misselbeck, K., Marchetti, L., Priami, C. et al. (2019). The 5-formyltetrahydrofolate futile cycle reduces pathway stochasticity in an extended hybrid-stochastic model of folate-mediated one-carbon metabolism. *Sci Rep* 9, 4322 <https://doi.org/10.1038/s41598-019-40230-4>
- Missihoun, T. D., Kirch, H. H., & Bartels, D. (2012). T-DNA insertion mutants reveal complex expression patterns of the aldehyde dehydrogenase 3H1 locus in *Arabidopsis thaliana*. *Journal of experimental botany*, 63(10), 3887–3898. <https://doi.org/10.1093/jxb/ers081>
- Mittler R. (2006). Abiotic stress, the field environment and stress combination. *Trends in plant science*, 11(1), 15–19. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2005.11.002>
- Mittler, R. (2002). Oxidative stress, antioxidants and stress tolerance. *Trends in plant science*, 7(9), 405-410.
- Mittler, R. (2017). ROS are good. *Trends in plant science*, 22(1), 11-19.
- Młodzińska E, Klobus G, Christensen MD, Fuglsang AT (2015). The plasma membrane H⁺ATPase AHA2 contributes to the root architecture in response to different nitrogen supply. *Physiol Plant* 154:270–282. <https://doi.org/10.1111/ppl.12305>
- Mobin, M., & Khan, N. A. (2007). Photosynthetic activity, pigment composition and antioxidative response of two mustard (*Brassica juncea*) cultivars differing in photosynthetic capacity subjected to cadmium stress. *Journal of Plant Physiology*, 164(5), 601-610.
- Mockaitis, K., & Howell, S. H. (2000). Auxin induces mitogenic activated protein kinase (MAPK) activation in roots of *Arabidopsis* seedlings. *The Plant Journal*, 24(6), 785-796. <https://doi.org/10.1111/j.1365-313X.2000.00921.x>
- Moin M, Bakshi A, Saha A, Kumar MU, Reddy AR, Rao KV, Siddiq EA, Kirti PB (2016). Activation tagging in indica rice identifies ribosomal proteins as potential targets for manipulation of water-use efficiency and abiotic stress tolerance in plants. *Plant Cell Environ* 39:2440–2459

- Moin, M., Bakshi, A., Madhav, M. S., & Kirti, P. B. (2017). Expression Profiling of Ribosomal Protein Gene Family in Dehydration Stress Responses and Characterization of Transgenic Rice Plants Overexpressing RPL23A for Water-Use Efficiency and Tolerance to Drought and Salt Stresses. *Frontiers in chemistry*, 5, 97. <https://doi.org/10.3389/fchem.2017.00097>
- Moin, M., Saha, A., Bakshi, A., Madhav, M. S., & Kirti, P. B. (2020). Ribosomal Protein Large subunit RPL6 modulates salt tolerance in rice. *bioRxiv*.
- Mokotedi, M.E (2010) Physiological responses of *Eucalyptus nitens* × *nitens* under experimentally imposed water stress. *South For J For Sci* 72:63–68. doi: 10.2989/20702620.2010.507017.
- Møller, I. M., Jensen, P. E., & Hansson, A. (2007). Oxidative modifications to cellular components in plants. *Annu. Rev. Plant Biol.*, 58, 459-481.
- Momayyezi M, Mckown AD, Bell SCS, Guy RD. (2020). Emerging roles for carbonic anhydrase in mesophyll conductance and photosynthesis. *The Plant Journal* 101: 831–844.
- Montero, H., Pérez-Gil, G. & Sampieri, C.L. (2019). Eukaryotic initiation factor 4A (eIF4A) during viral infections. *Virus Genes* 55, 267–273 <https://doi.org/10.1007/s11262-019-01641-7>
- Moore, J. P., Farrant, J. M., & Driouich, A. (2008). A role for pectin-associated arabinans in maintaining the flexibility of the plant cell wall during water deficit stress. *Plant Signaling & Behavior*, 3(2), 102-104. doi: 10.4161/psb.3.2.4959.
- Moreno JI, Martin R, Castresana C (2005). Arabidopsis SHMT1, a serine hydroxymethyltransferase that functions in the photorespiratory pathway influences resistance to biotic and abiotic stress. *Plant J* 41: 451–463
- Morgado, L. (2020). Biogenesis of small RNA: Molecular pathways and regulatory mechanisms. In *Plant Small RNA* (pp. 49-64). Academic Press.
- Morishima, Y., Wang, A. M., Yu, Z., Pratt, W. B., Osawa, Y., & Lieberman, A. P. (2008). CHIP deletion reveals functional redundancy of E3 ligases in promoting degradation of both signaling proteins and expanded glutamine proteins. *Human molecular genetics*, 17(24), 3942-3952. doi: 10.1093/hmg/ddn296.
- Morishita, T., Kojima, Y., Maruta, T., Nishizawa-Yokoi, A., Yabuta, Y., and Shigeoka, S. (2009). An Arabidopsis NAC transcription factor, ANAC078, regulates flavonoid biosynthesis under high light. *Plant Cell Physiol.* 50, 2210–2222. doi: 10.1093/pcp/pcp159
- Morita K, Hatanaka T, Misoo S, Fukayama H (2014). Unusual small subunit that is not expressed in photosynthetic cells alters the catalytic properties of Rubisco in rice. *Plant Physiol* 164:69–79.
- Mosa, K. A., El-Naggar, M., Ramamoorthy, K., Alawadhi, H., Elnaggar, A., Wartanian, S., ... & Hani, H. (2018). Copper nanoparticles induced genotoxicity, oxidative stress, and changes in Superoxide Dismutase (SOD) gene expression in cucumber (*Cucumis sativus*) plants. *Frontiers in plant science*, 9, 872.
- Moura, J. C. M. S., Bonine, C. A. V., de Oliveira Fernandes Viana, J., Dornelas, M. C., & Mazzafera, P. (2010). Abiotic and biotic stresses and changes in the lignin content and composition in plants. *Journal of integrative plant biology*, 52(4), 360-376. doi:10.1111/j.1744-7909.2010.00892.x
- Moura-Sobczak, J., Souza, U., & Mazzafera, P. (2011, December). Drought stress and changes in the lignin content and composition in *Eucalyptus*. In *BMC proceedings* (Vol. 5, No. 7, pp. 1-1). BioMed Central.
- Mudalkar S., Sreeharsha R.V. & Reddy A.R. (2016). A novel aldo-keto reductase from *Jatropha curcas* L. (JcAKR) plays a crucial role in the detoxification of methylglyoxal, a potent electrophile. *Journal of Plant Physiology* 195, 39–49.

- Mueller-Cajar O. (2017). The Diverse AAA+ Machines that Repair Inhibited Rubisco Active Sites. *Frontiers in molecular biosciences*, 4, 31. <https://doi.org/10.3389/fmolb.2017.00031>
- Mulkidjanian, A. Y., Galperin, M. Y., & Koonin, E. V. (2009). Co-evolution of primordial membranes and membrane proteins. *Trends in biochemical sciences*, 34(4), 206-215.
- Müller, G. L., Drincovich, M. F., Andreo, C. S., & Lara, M. V. (2008). *Nicotiana tabacum* NADP-malic enzyme: cloning, characterization and analysis of biological role. *Plant and cell physiology*, 49(3), 469-480.
- Murata, S., Minami, Y., Minami, M., Chiba, T., & Tanaka, K. (2001). CHIP is a chaperone-dependent E3 ligase that ubiquitylates unfolded protein. *EMBO reports*, 2(12), 1133-1138. doi: 10.1093/embo-reports/kve246.
- Musiani, F., Ippoliti, E., Micheletti, C., Carloni, P., & Ciurli, S. (2013). Conformational fluctuations of UreG, an intrinsically disordered enzyme. *Biochemistry*, 52(17), 2949-2954.
- Myburg, A. A., Grattapaglia, D., Tuskan, G. A., Hellsten, U., Hayes, R. D., Grimwood, J., ... Schmutz, J. (2014). The genome of *Eucalyptus grandis*. *Nature*, 510, 356. Retrieved from <https://doi.org/10.1038/nature13308>
- Mythri R.B., Vali S., Bharath M.M.S. (2013). Oxidative Stress, Protein Damage. In: Dubitzky W., Wolkenhauer O., Cho KH., Yokota H. (eds) *Encyclopedia of Systems Biology*. Springer, New York, NY. https://doi.org/10.1007/978-1-4419-9863-7_650
- Nagler M, Nukarinen E, Weckwerth W & Nägele T (2015). Integrative molecular profiling indicates a central role of transitory starch breakdown in establishing a stable C/N homeostasis during cold acclimation in two natural accessions of *Arabidopsis thaliana*. *BMC Plant Biol* 15, 284.
- Nahnsen, S.; Bielow, C.; Reinert, K.; Kohlbacher, O. (2013). Tools for label-free peptide quantification. *Molecular and Cell Proteomics*, v. 12, p. 549-556
- Nakabayashi, R., Mori, T., & Saito, K. (2014). Alternation of flavonoid accumulation under drought stress in *Arabidopsis thaliana*. *Plant signaling & behavior*, 9(8), e29518. <https://doi.org/10.4161/psb.29518>
- Nakashima, K., Ito, Y., & Yamaguchi-Shinozaki, K. (2009). Transcriptional regulatory networks in response to abiotic stresses in *Arabidopsis* and grasses. *Plant physiology*, 149(1), 88-95.
- Nakashima, K., Takasaki, H., Mizoi, J., Shinozaki, K., & Yamaguchi-Shinozaki, K. (2012). NAC transcription factors in plant abiotic stress responses. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Gene Regulatory Mechanisms*, 1819(2), 97-103.
- Nasreen, Z., Muqadas, H., & Begum, A. (2017). Flavonoids in Plants of Pakistan: A Review. *The Journal of Microbiology, Biotechnology and Food Sciences*, 7(1), 83. Neto MCL, Cerqueira JVA, da Cunha JR, Ribeiro RV, Silveira JAG (2017). Cyclic electron flow, NPQ and photorespiration are crucial for the establishment of young plants of *Ricinus communis* and *Jatropha curcas* exposed to drought. *Plant Biol (Stuttg)* 19:650–659
- Nesatyy, V. J., & Suter, M. J. F. (2007). Proteomics for the analysis of environmental stress responses in organisms. *Environmental science & technology*, 41(20), 6891-6900.
- Nguyen, H. M., Schippers, J. H., Göni-Ramos, O., Christoph, M. P., Dortay, H., van der Hoorn, R. A., et al. (2013). An upstream regulator of the 26S proteasome modulates organ size in *Arabidopsis thaliana*. *Plant J.* 74, 25–36. doi: 10.1111/tpj.12097
- Niculaes, C., Morreel, K., Kim, H., Lu, F., McKee, L. S., Ivens, B., ... & Fromm, J. (2014). Phenylcoumaran benzylic ether reductase prevents accumulation of compounds formed under oxidative conditions in poplar xylem. *The Plant Cell*, 26(9), 3775-3791. doi: 10.1105/tpc.114.125260
- Nielsen, T.H., Rung, J.H. and Villadsen, D. (2004). Fructose-2,6-bisphosphate: a traffic signal in plant metabolism. *Trends Plant Sci.* 9, 556–563.

- Nielsen, T.H., Skjærbaek, H.C. and Karlsen, P. (1991). Carbohydrate metabolism during fruit development in sweet pepper (*Capsicum annuum*) plants. *Physiol. Plant.* 82, 311–319.
- Ning LH, Du WK, Song HN, Shao HB, Qia WC, Amr Sheteiwy MS, Yu DY (2019). Identification of responsive miRNAs involved in combination stresses of phosphate starvation and salt stress in soybean root. *Environ Exp Bot*:167
- Noctor, G., & Mhamdi, A. (2017). Climate Change, CO₂, and Defense: The Metabolic, Redox, and Signaling Perspectives. *Trends in plant science*, 22(10), 857–870. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2017.07.007>
- Nomura, H., Komori, T., Kobori, M., Nakahira, Y., & Shiina, T. (2008). Evidence for chloroplast control of external Ca²⁺-induced cytosolic Ca²⁺ transients and stomatal closure. *The Plant Journal*, 53(6), 988-998.
- Norin A, Van Ophen PW, Piersma SR, Persson B, Duine JA and Jörnvall H (1997). Mycothiol-dependent formaldehyde dehydrogenase, a prokaryotic medium-chain dehydrogenase/reductase, phylogenetically links different eukaryotic alcohol dehydrogenases. *Eur J Biochem* 248:282-289.
- Nunes-Nesi, A., Cavalcanti, J. H. F., & Fernie, A. R. (2020). Characterization of in vivo function (s) of members of the plant mitochondrial carrier family. *Biomolecules*, 10(9), 1226. doi: 10.3390/biom10091226. PMID: 32846873; PMCID: PMC7565455.
- Nys, E.D.; Engle, N.L.; Magalhães, A.R. (2016). *Drought in Brazil: Proactive Management and Policy*; CRC Press: Boca Raton, FL, USA; p. 230.
- O'Farrel, P.H. (1975). High resolution two-dimensional electrophoresis of proteins. *The Journal of Biological Chemistry*, v.250, n.10, p. 4007-4021
- OECD. (2016). *Eucalyptus (Eucalyptus spp.) – Safety Assessment of Transgenic Organisms in the Environment*. OECD Consensus Documents, OECD Publishing, Paris, 6, 245–323.
- Ohama, N., Sato, H., Shinozaki, K., & Yamaguchi-Shinozaki, K. (2017). Transcriptional regulatory network of plant heat stress response. *Trends in plant science*, 22(1), 53-65.
- O'Leary BM, Asao S, Millar AH, Atkin OK. (2019). Core principles which explain variation in respiration across biological scales. *The New Phytologist*. 222(2):670-686. DOI: 10.1111/nph.15576.
- O'Leary, B. M., Oh, G., Lee, C. P., & Millar, A. H. (2020). Metabolite Regulatory Interactions Control Plant Respiratory Metabolism via Target of Rapamycin (TOR) Kinase Activation. *The Plant cell*, 32(3), 666–682. <https://doi.org/10.1105/tpc.19.00157>
- O'Leary, B., & Plaxton, W. C. (2020). Multifaceted functions of post-translational enzyme modifications in the control of plant glycolysis. *Current opinion in plant biology*, 55, 28–37. <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2020.01.009>
- Otto, M.S.G., Francisco, J.G., Gonzalez, B.T. et al. (2017). Changes in γ -aminobutyric acid concentration, gas exchange, and leaf anatomy in Eucalyptus clones under drought stress and rewatering. *Acta Physiol Plant* 39, 208 <https://doi-org.ez67.periodicos.capes.gov.br/10.1007/s11738-017-2507-5>.
- Paciorek, T., Zažímalová, E., Ruthardt, N., Petrášek, J., Stierhof, Y. D., Kleine-Vehn, J., ... & Friml, J. (2005). Auxin inhibits endocytosis and promotes its own efflux from cells. *Nature*, 435(7046), 1251-1256. Geigenberger, P., Riewe, D., and Fernie, A. R. (2010). The central regulation of plant physiology by adenylates. *Trends Plant Sci.* 15, 98–105. doi: 10.1016/j.tplants.2009.11.004
- Paez Valencia, J., Goodman, K., & Otegui, M. S. (2016). Endocytosis and endosomal trafficking in plants. *Annual Review of Plant Biology*, 67, 309-335. doi: 10.1146/annurev-arplant-043015-112242.
- Pallardy, S. G. and Kozlowski, T. T., (2008). *Physiology of Woody Plants*, Elsevier, Boston, Mass, USA

- Palmieri, F., Pierri, C. L., De Grassi, A., Nunes-Nesi, A., & Fernie, A. R. (2011). Evolution, structure and function of mitochondrial carriers: a review with new insights. *The Plant Journal*, 66(1), 161-181.
- Pan, L., Yu, Q., Han, H., Mao, L., Nyporko, A., Fan, L., ... & Powles, S. (2019). Aldo-keto reductase metabolizes glyphosate and confers glyphosate resistance in *Echinochloa colona*. *Plant Physiology*, 181(4), 1519-1534.
- Pan, Q., Wendel, J., & Fluhr, R. (2000). Divergent evolution of plant NBS-LRR resistance gene homologues in dicot and cereal genomes. *Journal of molecular evolution*, 50(3), 203–213. <https://doi.org/10.1007/s002399910023>
- Pan, Y., Wu, L. J., & Yu, Z. L. (2006). Effect of salt and drought stress on antioxidant enzymes activities and SOD isoenzymes of liquorice (*Glycyrrhiza uralensis* Fisch). *Plant Growth Regulation*, 49(2-3), 157-165.
- Park JI, Ahmed NU, Jung HJ, Arasan SK, Chung MY, Cho YG, Watanabe M, Nou IS (2014). Identification and characterization of LIM gene family in *Brassica rapa*. *BMC Genom* 15:641
- Park, H. Y., Kang, I. S., Han, J. S., Lee, C. H., An, G., & Moon, Y. H. (2009). OsDEG10 encoding a small RNA-binding protein is involved in abiotic stress signaling. *Biochemical and biophysical research communications*, 380(3), 597–602. <https://doi.org/10.1016/j.bbrc.2009.01.131>
- Patel V, Black KA, Rhee KY, Helmann JD (2019). *Bacillus subtilis* PgcA moonlights as a phosphoglucosamine mutase in support of peptidoglycan synthesis. *PLoS Genet* 15(10): e1008434. <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1008434>.
- Pedersen, J. F., Vogel, K. P., & Funnell, D. L. (2005). Impact of reduced lignin on plant fitness. *Crop Science*, 45(3), 812-819.
- Pedreira, A. S. L. Predição de interações proteína-proteína através de cobertura de conjuntos utilizando uma metaheurística GRASP. Dissertação (Mestrado). Universidade Federal Fluminense. 2012.
- Peltier JB, Cai Y, Sun Q, Zabrouskov V, Giacomelli L, Rudella A, Ytterberg AJ, Rutschow H, van Wijk KJ. (2006). The oligomeric stromal proteome of *Arabidopsis thaliana* chloroplasts. *Molecular & Cellular Proteomics* 5, 114-133.
- Peng L, Fukao Y, Myouga F, Motohashi R, Shinozaki K, Shikanai T. (2011). A chaperonin subunit with unique structures is essential for folding of a specific substrate. *PLoS Biology* 9, e1001040.
- Peng, X., Wang, Q., Liu, H., & Shen, S. (2017). Phylogenetic and functional analysis of the basic transcription factor gene BTF3 from *Jatropha curcas*. *Plant Growth Regulation*, 82(2), 247-257.
- Perata, P., & Alpi, A. (1993). Plant responses to anaerobiosis. *Plant science*, 93(1-2), 1-17.
- Perdomo, J. A., Capó-Bauçà, S., Carmo-Silva, E., & Galmés, J. (2017). Rubisco and rubisco activase play an important role in the biochemical limitations of photosynthesis in rice, wheat, and maize under high temperature and water deficit. *Frontiers in plant science*, 8, 490. doi: 10.3389/fpls.2017.00490
- Perea-Resa, C., Rodríguez-Milla, M. A., Iniesto, E., Rubio, V., & Salinas, J. (2017). Prefoldins negatively regulate cold acclimation in *Arabidopsis thaliana* by promoting nuclear proteasome-mediated HY5 degradation. *Molecular plant*, 10(6), 791-804. doi: 10.1016/j.molp.2017.03.012.
- Persson B, Bergman T, Keung WM, Waldenström U, Holmquist B, Vallee BL and Jörnvall H (1993). Basic features of class-I alcohol dehydrogenase: variable and constant segments coordinated by inter-class and intra-class variability. Conclusions from characterization of the alligator enzyme. *Eur J Biochem* 216:49-56.
- Peverelli, M. G., da Costa, T. P. S., Kirby, N., & Perugini, M. A. (2016). Dimerization of bacterial diaminopimelate decarboxylase is essential for catalysis. *Journal of Biological Chemistry*, 291(18), 9785-9795. doi: 10.1074/jbc.M115.696591.

- Pfaff C, Ehrnsberger HF, Flores-tornero M, Sørensen BB, Schubert T, Längst G, Griesenbeck J, Sprunck S, Grasser M, Grasser KD (2018). ALY RNA-binding proteins are required for nucleocytoplasmic mRNA transport and modulate plant growth and development. *Plant Physiol* 177:226–240
- Picard, D. (2002). Heat-shock protein 90, a chaperone for folding and regulation. *Cellular and Molecular Life Sciences CMLS*, 59(10), 1640-1648. <https://doi.org/10.1007/PL00012491>
- Pillitteri, L. J., & Torii, K. U. (2012). Mechanisms of stomatal development. *Annual review of plant biology*, 63, 591–614. <https://doi.org/10.1146/annurev-arplant-042811-105451>
- Pires, I. E.; Cruz, C. D.; Borges, R. C. G.; Regazzi, A. J. (1996) Índice de seleção combinada aplicado ao melhoramento genético de *Eucalyptus* spp. *Revista Árvore*, v.20, p.191-197.
- Pogorelko, G. V., Mokryakova, M., Fursova, O. V., Abdeeva, I., Piruzian, E. S., & Bruskin, S. A. (2014). Characterization of three *Arabidopsis thaliana* immunophilin genes involved in the plant defense response against *Pseudomonas syringae*. *Gene*, 538(1), 12-22. doi: 10.1016/j.gene.2014.01.029.
- Potts, B.M. 2004. Genetic improvements of eucalypts. Burley, J., Evans, J., Youngquist, J.A. (eds.) *Encyclopedia of Forest Sciences*. Elsevier Academic Press, Oxford, 1480–1490.
- Prabu, G.; Kavar, P.G.; Pagariya, M. C.; Prasad, D. T. (2011). Identification of water deficit stress upregulated genes in sugarcane. *Plant Mol Biol Rep* 29:291-304.
- Preisner, M., Wojtasik, W., Kostyn, K., Boba, A., Czuj, T., Szopa, J., & Kulma, A. (2018). The cinnamyl alcohol dehydrogenase family in flax: differentiation during plant growth and under stress conditions. *Journal of plant physiology*, 221, 132-143. doi: 10.1016/j.jplph.2017.11.015.
- Pruthvi, V., Rama, N., Parvathi, M.S. and Nataraja, K.N. (2017). Transgenic tobacco plants constitutively expressing peanut BTF3 exhibit increased growth and tolerance to abiotic stresses. *Plant Biol J*, 19: 377-385. <https://doi.org/10.1111/plb.12533>
- Pucciariello, C., Parlanti, S., Banti, V., Novi, G., & Perata, P. (2012). Reactive oxygen species-driven transcription in *Arabidopsis* under oxygen deprivation. *Plant physiology*, 159(1), 184–196. <https://doi.org/10.1104/pp.111.191122>
- Putarjunan, A., & Torii, K. U. (2020). Heat Shocking the Jedi Master: HSP90's role in regulating stomatal cell fate. *Molecular Plant*. doi: 10.1016/j.molp.2020.03.001.
- Raabe, K. (2018). Eukaryotic translation initiation factor 3 and its role in plant translation regulation. *Bakalářská práce*. Univerzita Karlova, Přírodovědecká fakulta, Katedra experimentální biologie rostlin. Vedoucí práce Michailidis, Christos.
- Raabe, K., Honys, D., Michailidis, C. (2019). The role of eukaryotic initiation factor 3 in plant translation regulation. *Plant Physiol. Biochem.* 145. <https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2019.10.015>
- Ramegowda, V., Gill, U. S., Sivalingam, P. N., Gupta, A., Gupta, C., Govind, G., ... & Senthil-Kumar, M. (2017). GBF3 transcription factor imparts drought tolerance in *Arabidopsis thaliana*. *Scientific reports*, 7(1), 1-13.
- Ray D., Ghosh A., Mustafi S.B., Raha S. (2016). Plant Stress Response: Hsp70 in the Spotlight. In: Asea A., Kaur P., Calderwood S. (eds) *Heat Shock Proteins and Plants*. *Heat Shock Proteins*, vol 10. Springer, Cham. https://doi.org/10.1007/978-3-319-46340-7_7
- Rébeillé F., Douce R. (1999) in *Regulation of Primary Metabolic Pathways in Plants*, eds Kruger N. J., Hill S. A., Ratcliffe R. G. (Kluwer, Dordrecht, The Netherlands), pp 53–99.

- Reed, J. W. (2001). Roles and activities of Aux/IAA proteins in Arabidopsis. *Trends in plant science*, 6(9), 420-425. [https://doi.org/10.1016/S1360-1385\(01\)02042-8](https://doi.org/10.1016/S1360-1385(01)02042-8)
- Regiani, T. ; Budzinski, Ilara Gabriela Frasson ; Guidetti-Gonzalez, Simone ; Labate, Monica Teresa Veneziano ; Cotinguiba, Fernando ; Marques, Felipe Garbelini ; Fabrício E Moraes ; Labate, Carlos A. . *Electrophoresis, Chromatography and Mass Spectrometry*. In: Roberto Fritsche-Neto. (Org.). *Omics in Plant Breeding*. 1ed.Hoboken: Wiley-Blackwell, 2014, v. 1, p. 147-166.
- Reimer, U., & Fischer, G. (2002). Local structural changes caused by peptidyl–prolyl cis/trans isomerization in the native state of proteins. *Biophysical chemistry*, 96(2-3), 203-212.: [10.1016/s0301-4622\(02\)00013-3](https://doi.org/10.1016/s0301-4622(02)00013-3).
- Ren S, Sun M, Yan H, et al. (2020). Identification and Distribution of NBS-Encoding Resistance Genes of *Dactylis glomerata* L. and Its Expression Under Abiotic and Biotic Stress. *Biochemical Genetics*. DOI: [10.1007/s10528-020-09977-8](https://doi.org/10.1007/s10528-020-09977-8).
- Rentsch, D., Schmidt, S., & Tegeder, M. (2007). Transporters for uptake and allocation of organic nitrogen compounds in plants. *FEBS Letters*, 581(12), 2281–2289. <https://doi.org/10.1016/j.febslet.2007.04.013>
- Rey, P., & Tarrago, L. (2018). Physiological roles of plant methionine sulfoxide reductases in redox homeostasis and signaling. *Antioxidants*, 7(9), 114.
- Rochaix, J. D., & Bassi, R. (2019). LHC-like proteins involved in stress responses and biogenesis/repair of the photosynthetic apparatus. *Biochemical Journal*, 476(3), 581-593. doi: <https://doi.org/10.1042/BCJ20180718>
- Rodríguez-Milla, M. A., & Salinas, J. (2009). Prefoldins 3 and 5 play an essential role in Arabidopsis tolerance to salt stress. *Molecular plant*, 2(3), 526-534. doi: [10.1093/mp/ssp016](https://doi.org/10.1093/mp/ssp016).
- Rodziewicz, P., Chmielewska, K., Sawikowska, A., Marczak, Ł., Łuczak, M., Bednarek, P., ... & Stobiecki, M. (2019). Identification of drought responsive proteins and related proteomic QTLs in barley. *Journal of experimental botany*, 70(10), 2823-2837.
- Roje, S., Janave, M. T., Ziemak, M. J., & Hanson, A. D. (2002). Cloning and characterization of mitochondrial 5-formyltetrahydrofolate cycloligase from higher plants. *Journal of Biological Chemistry*, 277(45), 42748-42754. doi: [10.1074/jbc.M205632200](https://doi.org/10.1074/jbc.M205632200).
- Romani, I., Tadini, L., Rossi, F., Masiero, S., Pribil, M., Jahns, P., Kater, M., Leister, D. and Pesaresi, P. (2012). Versatile roles of Arabidopsis plastid ribosomal proteins in plant growth and development. *The Plant Journal*, 72: 922-934. <https://doi.org/10.1111/tpj.12000>
- Roy, B. (2010). *Translational Regulation in Arabidopsis thaliana: Genetic and Functional Characterization of Eukaryotic Initiation Factor 3* PhD diss., University of Tennessee, 2010. PhD diss., Univ. Tennessee, 2010
- Roy, D., & Rajyaguru, P. I. (2018). Suppressor of clathrin deficiency (Scd6)—An emerging RGG-motif translation repressor. *Wiley Interdisciplinary Reviews: RNA*, 9(5), e1479.<https://doi.org/10.1002/wrna.1479>
- Rylott, E. L., Eastmond, P. J., Gilday, A. D., Slocombe, S. P., Larson, T. R., Baker, A., & Graham, I. A. (2006). The Arabidopsis thaliana multifunctional protein gene (MFP2) of peroxisomal β -oxidation is essential for seedling establishment. *The Plant Journal*, 45(6), 930-941. Sadlon, A. E., & Lamson, D. W. (2010). Immune-modifying and antimicrobial effects of Eucalyptus oil and simple inhalation devices. *Alternative medicine review*, 15(1), 33-43.
- Saadaoui, E., Yahia, K. B., Dhahri, S., Jamaa, M. L. B., & Khouja, M. L. (2017). An overview of adaptative responses to drought stress in Eucalyptus spp. *Forestry Studies*, 67(1), 86-96.
- Saeki, Y. (2017). Ubiquitin recognition by the proteasome. *J. Biochem.* 161, 113–124. doi: [10.1093/jb/mvw091](https://doi.org/10.1093/jb/mvw091)

- Saguez, J., Attoumbré, J., Giordanengo, P., & Baltora-Rosset, S. (2013). Biological activities of lignans and neolignans on the aphid *Myzus persicae* (Sulzer). *Arthropod-Plant Interactions*, 7(2), 225-233. doi:10.1007/s11829-012-9236-x
- Saifi, S. K., Passricha, N., Tuteja, R., & Tuteja, N. (2019). An Overview of AAA+ Superfamily Proteins Associated Helicases. In *Helicases from All Domains of Life* (pp. 247-264). Academic Press.
- Saigo, M., Tronconi, M. A., Gerrard Wheeler, M. C., Alvarez, C. E., Drincovich, M. F., and Andreo, C. S. (2013). Biochemical approaches to C4 photosynthesis evolution studies: the case of malic enzymes decarboxylases. *Photosynth. Res.* 117, 177–187. doi: 10.1007/s11120-013-9879-1
- Samakovli D, Tichá T & Šamaj J. (2020b). HSP90 chaperones regulate stomatal differentiation under normal and heat stress conditions, *Plant Signaling & Behavior*, 15:9, DOI: 10.1080/15592324.2020.1789817
- Samakovli, D., Tichá, T., Vavrdová, T., Ovečka, M., Luptovčiak, I., Zapletalová, V., ... & Roka, L. (2020a). YODA-HSP90 module regulates phosphorylation-dependent inactivation of SPEECHLESS to control stomatal development under acute heat stress in *Arabidopsis*. *Molecular Plant*. doi: 10.1016/j.molp.2020.01.001.
- Samant, R. S., Livingston, C. M., Sontag, E. M., and Frydman, J. (2018). Distinct proteostasis circuits co-operate in nuclear and cytoplasmic protein quality control. *Nature* 563, 407–411. doi: 10.1038/s41586-018-0678-x
- Samanta, A., Das, G. & Das, S. K. Roles of flavonoids in plants. *Int. J. Pharm. Sci. Technol.* 6, 12–35 (2011).
- Samatha, T., Shyamsundarachary, R., Srinivas, P., Swamy, N.R. (2012). Quantification of total phenolic and total flavonoid contents in extracts of *Oroxylum indicum* Kurz. *Asian Journal of Pharmaceutical and Clinical Research* 5 (Suppl. 4), 177–179
- Samsatly, J., Copley, T. R., and Jabaji, S. H. (2018). Antioxidant genes of plants and fungal pathogens are distinctly regulated during disease development in different *Rhizoctonia solani* pathosystems. *PLoS ONE* 13:e0192682. doi: 10.1371/journal.pone.0192682
- Santelia, D., & Lawson, T. (2016). Rethinking Guard Cell Metabolism. *Plant physiology*, 172(3), 1371–1392. <https://doi.org/10.1104/pp.16.00767>
- Santos, A. A., Lopes, K. V., Apfata, J. A., & Fontes, E. P. (2010). NSP-interacting kinase, NIK: a transducer of plant defence signalling. *Journal of Experimental Botany*, 61(14), 3839-3845. Suppl PG, Oñate-Sanchez L, Singh KB, Millar AH (2004) Proteomic analysis of glutathione S-transferases of *Arabidopsis thaliana* reveals differential salicylic acid-induced expression of the plant-specific phi and tau class. *Plant Mol Biol* 54:205–219
- Santosh Rama Bhadra Rao, T., Vijaya Naresh, J., Sudhakar Reddy, P., Reddy, M. K., & Mallikarjuna, G. (2017). Expression of *Pennisetum glaucum* eukaryotic translational initiation factor 4A (PgeIF4A) confers improved drought, salinity, and oxidative stress tolerance in groundnut. *Frontiers in Plant Science*, 8, 453.
- Sasaki, A., Itoh, H., Gomi, K., Ueguchi-Tanaka, M., Ishiyama, K., Kobayashi, M., ... & Matsuoka, M. (2003). Accumulation of phosphorylated repressor for gibberellin signaling in an F-box mutant. *Science*, 299(5614), 1896-1898. doi: 10.1126/science.1081077.
- Sasaki, H., Hirose, T., Watanabe, Y. and Ohsugi, R. (1998). Carbonic anhydrase activity and CO₂-transfer resistance in Zn-deficient rice leaves. *Plant Physiol.* 118, 929–934.
- Sawadogo M, Sentenac A (1990). RNA polymerase B (II) and general transcription factors. *Annu Rev Biochem* 59(1):711–754
- Scheele, G. A. (1975). Two-dimensional gel analysis of soluble proteins. Characterization of guinea pig exocrine pancreatic proteins. *Journal of Biological Chemistry*, 250(14), 5375-5385.

- Schmal, C., Reimann, P., & Staiger, D. (2013). A circadian clock-regulated toggle switch explains AtGRP7 and AtGRP8 oscillations in *Arabidopsis thaliana*. *PLoS computational biology*, 9(3), e1002986. <https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1002986>
- Schnell DJ. (2019). The TOC GTPase Receptors: Regulators of the Fidelity, Specificity and Substrate Profiles of the General Protein Import Machinery of Chloroplasts. *Protein Journal* 38, 343-350
- Schořová, Š., Fajkus, J., Závěská Drábková, L., Honys, D., & Schrupfová, P. P. (2019). The plant Pontin and Reptin homologues, Ruv BL 1 and Ruv BL 2a, colocalize with TERT and TRB proteins in vivo, and participate in telomerase biogenesis. *The Plant Journal*, 98(2), 195-212. doi: 10.1111/tpj.14306.
- Schröder, P., Scheer, C. E., Diekmann, F., and Stampfl, A. (2007). How plants cope with foreign compounds. Translocation of xenobiotic glutathione conjugates in roots of barley (*Hordeum vulgare*). *Environ. Sci. Pollut. Res. Int.* 14, 114–122. doi: 10.1065/espr2006.10.352
- Schuberth, C., Richly, H., Rumpf, S., & Buchberger, A. (2004). Shp1 and Ubx2 are adaptors of Cdc48 involved in ubiquitin-dependent protein degradation. *EMBO reports*, 5(8), 818–824. <https://doi.org/10.1038/sj.embor.7400203>
- Schulze, S., Westhoff, P., & Gowik, U. (2016). Glycine decarboxylase in C3, C4 and C3–C4 intermediate species. *Current Opinion in Plant Biology*, 31, 29-35. Sedaghatmehr, M., Mueller-Roeber, B. & Balazadeh, S. (2016). The plastid metalloprotease FtsH6 and small heat shock protein HSP21 jointly regulate thermomemory in *Arabidopsis*. *Nat Commun* 7, 12439 <https://doi.org/10.1038/ncomms12439>
- Schwanhäusser, B., Busse, D., Li, N., Dittmar, G., Schuchhardt, J., Wolf, J., ... & Selbach, M. (2011). Global quantification of mammalian gene expression control. *Nature*, 473(7347), 337-342.
- Sekhar, K., Priyanka, B., Reddy, V. D., & Rao, K. V. (2010). Isolation and characterization of a pigeonpea cyclophilin (CcCYP) gene, and its over-expression in *Arabidopsis* confers multiple abiotic stress tolerance. *Plant, cell & environment*, 33(8), 1324-1338. doi: 10.1111/j.1365-3040.2010.02151.x.
- Sgherri, C., Ranieri, A., and Quartacci, M. F. (2013). Antioxidative responses in *Vitis vinifera* infected by grapevine fanleaf virus. *J. Plant Physiol.*, 170, 121–128.
- Shackelford, G. S., Regni, C. A., & Beamer, L. J. (2004). Evolutionary trace analysis of the α -D-phosphohexomutase superfamily. *Protein Science*, 13(8), 2130-2138.
- Shang, X., Yu, Y., Zhu, L., Liu, H., Chai, Q., & Guo, W. (2020). A cotton NAC transcription factor GhirNAC2 plays positive roles in drought tolerance via regulating ABA biosynthesis. *Plant Science*, 110498.
- Shao, A., Sun, Z., Fan, S., Xu, X., Wang, W., Amombo, E., ... & Fu, J. (2020). Moderately low nitrogen application mitigate the negative effects of salt stress on annual ryegrass seedlings. *PeerJ*, 8, e10427.
- Sharafi, E., Dehestani, A., & Farmani, J. (2017). Bioinformatics evaluation of plant chlorophyllase, the key enzyme in chlorophyll degradation.
- Shen Y, Wei W, Zhou DX (2015). Histone acetylation enzymes coordinate metabolism and gene expression. *Trends Plant Sci* 20:614–621.
- Shen, G., Yan, J., Pasapula, V., Luo, J., He, C., Clarke, A. K., & Zhang, H. (2007). The chloroplast protease subunit ClpP4 is a substrate of the E3 ligase AtCHIP and plays an important role in chloroplast function. *The Plant Journal*, 49(2), 228-237. doi: 10.1111/j.1365-313X.2006.02963.x.
- Shi, H., He, S., He, X. et al. (2019). An eukaryotic elongation factor 2 from *Medicago falcata* (MfEF2) confers cold tolerance. *BMC Plant Biol* 19, 218 <https://doi.org/10.1186/s12870-019-1826-7>

- Shi, H., Liu, W., Yao, Y., Wei, Y., & Chan, Z. (2017). Alcohol dehydrogenase 1 (ADH1) confers both abiotic and biotic stress resistance in *Arabidopsis*. *Plant Science*, 262, 24-31.
- Shi, J., Wang, Y., Guo, S., Ma, L., Wang, Z., Zhu, X., ... & He, G. (2015). Molecular Mapping and Candidate Gene Analysis of a Yellow-Green Leaf 6 (ygl6) Mutant in Rice. *Crop Science*, 55(2), 669-680.
- Shinozaki, K., & Yamaguchi-Shinozaki, K. (2007). Gene networks involved in drought stress response and tolerance. *Journal of experimental botany*, 58(2), 221-227.
- Shrestha, C.L.; Ona, I.; Muthukrishnan, S.; Mew, T.W. (2007). Chitinase levels in rice cultivars correlate with resistance to the sheath blight pathogen *Rhizoctonia solani*. *Eur. J. Plant Pathol.* 120, 69–77.
- Siddiqui, H., Hayat, S., & Bajguz, A. (2018). Regulation of photosynthesis by brassinosteroids in plants. *Acta Physiologiae Plantarum*, 40(3), 59.
- Silim, S.; Nash, R.; Reynard, D.; White, B.; Schroeder, W. (2009). Leaf gas exchange and water potential responses to drought in nine poplar (*Populus* spp.) clones with contrasting drought tolerance. *Trees-Struct Funct.*23:959–69.
- Silva, A. M. S.; Emerson, G. C. C; Reis, E. M. (2007). Proteômica – uma abordagem funcional do estudo do genoma. *Saúde & Ambiente em Revista, Duque de Caxias*, v.2, n. 2, p.01-10.
- Silva, J.C.: Gorenstein, M.V.; Li, G.Z.; Vissers, J.P.; Geromanos, S.J. (2006). Absolute quantification of proteins by LCMSE- A virtue of parallel MS acquisition. *Molecular and Cellular Proteomics*, v. 5, n. 1, p. 144-156
- Silva, M. R. (1998). Caracterização morfológica, fisiológica e nutricional de mudas de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden submetidas a diferentes níveis de estresse hídrico durante a fase de rustificação. 1998. 105f. Dissertação (Mestrado e Silvicultura) - Universidade do Federal do Paraná, Curitiba.
- Silva, P. H., Campoe, O. C., De Paula, R. C., & Lee, D. J. (2016). Seedling growth and physiological responses of sixteen eucalypt taxa under controlled water regime. *Forests*, 7(6), 110.
- Simkin, A. J., McAusland, L., Lawson, T., & Raines, C. A. (2017). Overexpression of the RieskeFeS protein increases electron transport rates and biomass yield. *Plant physiology*, 175(1), 134-145.
- Singh, N., Mishra, A., and Jha, B. (2014). Ectopic over-expression of peroxisomal ascorbate peroxidase (SbpAPX) gene confers salt stress tolerance in transgenic peanut (*Arachis hypogaea*). *Gene* 547, 119–125. doi: 10.1016/j.gene.2014.06.037
- Singh, R., Dangol, S., Chen, Y., Choi, J., Cho, Y. S., Lee, J. E., Choi, M. O., & Jwa, N. S. (2016). Magnaporthe oryzae Effector AVR-Pii Helps to Establish Compatibility by Inhibition of the Rice NADP-Malic Enzyme Resulting in Disruption of Oxidative Burst and Host Innate Immunity. *Molecules and cells*, 39(5), 426–438. <https://doi.org/10.14348/molcells.2016.0094>
- Singh, S. K., Sung, T. Y., Chung, T. Y., Lin, S. Y., Lin, S. C., Liao, J. C., ... & Hsieh, M. H. (2018). ACR11 modulates levels of reactive oxygen species and salicylic acid-associated defense response in *Arabidopsis*. *Scientific reports*, 8(1), 1-9.
- Singh, S., Khan, N. A., Nazar, R., & Anjum, N. A. (2008). Photosynthetic traits and activities of antioxidant enzymes in blackgram (*Vigna mungo* L. Hepper) under cadmium stress. *Am J Plant Physiol*, 3, 25-32.
- Sivanand S, Viney I, Wellen KE (2018). Spatiotemporal control of acetyl-CoA metabolism in chromatin regulation. *Trends Biochem Sci* 43:61–74.
- Skórzyńska-Polit, E., Dra, M., & Krupa, Z. (2003). The activity of the antioxidative system in cadmium-treated *Arabidopsis thaliana*. *Biologia Plantarum*, 47(1), 71-78. Smith CA, Melino VJ, Sweetman C, Soole KL.

- Manipulation of alternative oxidase can influence salt tolerance in *Arabidopsis thaliana*. *Physiol Plant*. 2009 Dec;137(4):459-72. doi: 10.1111/j.1399-3054.2009.01305.x.
- Smith, C. A., Melino, V. J., Sweetman, C., & Soole, K. L. (2009). Manipulation of alternative oxidase can influence salt tolerance in *Arabidopsis thaliana*. *Physiologia Plantarum*, 137(4), 459-472.
- Smith, M. C., & Gestwicki, J. E. (2012). Features of protein-protein interactions that translate into potent inhibitors: topology, surface area and affinity. *Expert reviews in molecular medicine*, 14, e16.
- Snider, J., Thibault, G., & Houry, W. A. (2008). The AAA+ superfamily of functionally diverse proteins. *Genome biology*, 9(4), 216. doi: 10.1186/gb-2008-9-4-216.
- Soares, T.S.; Carvalho, R.M.M.A.; Vale A.B. (2003). Avaliação econômica de um povoamento de *Eucalyptus grandis* destinado a multiprodutos. *Revista Árvore*, v.27, n.5, p.689-69.
- Somerville CR, Portis AR, Ogren WL. (1982). A mutant of *Arabidopsis thaliana* which lacks activation of RuBP carboxylase in vivo. *Plant Physiology* 70: 381–387.
- Song, H., Guo, Z., Hu, X. et al. (2019a). Evolutionary balance between LRR domain loss and young NBS–LRR genes production governs disease resistance in *Arachis hypogaea* cv. Tifrunner. *BMC Genomics* 20, 844 <https://doi.org/10.1186/s12864-019-6212-1>
- Song, J. , Finnegan, P. M. , Liu, W. , Li, X. , Yong, J. W. H. , Xu, J. , Zhang, Q. , Wen, Y. , Qin, K. , Guo, J. , Li, T. , Zhao, C. , & Zhang, Y. (2019b). Mechanisms underlying enhanced Cd translocation and tolerance in roots of *Populus euramericana* in response to nitrogen fertilization. *Plant Science* , 287 , 110206. <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2019.110206>
- Sperandio, M. V. L., Santos, L. A., Tavares, O. C. H., Fernandes, M. S., da Silva, H. F. O., de Freitas Lima, M., & de Souza, S. R. (2020). Reduced Plasma Membrane H⁺-ATPase Isoform OsA7 Expression and Proton Pump Activity Decrease Growth Without Affecting Nitrogen Accumulation in Rice. *Journal of Plant Growth Regulation*, 1-11.
- Spieß, N., Oufir, M., Matušková, I., Stierschneider, M., Kopecky, D., Homolka, A., ... & Wilhelm, E. (2012). Ecophysiological and transcriptomic responses of oak (*Quercus robur*) to long-term drought exposure and rewatering. *Environmental and Experimental Botany*, 77, 117-126.
- Spreitzer RJ (2003). Role of the small subunit in ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase. *Arch Biochem Biophys* 414:141–149.
- Sreenivasulu, N., Harshvardhan, V. T., Govind, G., Seiler, C., & Kohli, A. (2012). Contrapuntal role of ABA: does it mediate stress tolerance or plant growth retardation under long-term drought stress?. *Gene*, 506(2), 265-273.
- Srivastava V, Verma PV (2015). Genome wide identification of LIM genes in *Cicer arietinum* and response of Ca-2LIMs in development, hormone and pathogenic stress. *PLoS One* 10:e0138719
- Staiger CJ, Blanchoin L. (2006). Actin dynamics: old friends with new stories. *Curr Opin Plant Biol*. 2006 Dec;9(6):554-62. doi: 10.1016/j.pbi.2006.09.013. Epub 2006 Sep 29. PMID: 17011229.
- Stangeland, B., Nestestog, R., Grini, P. E., Skrbo, N., Berg, A., Salehian, Z., ... & Aalen, R. B. (2005). Molecular analysis of *Arabidopsis* endosperm and embryo promoter trap lines: reporter-gene expression can result from T-DNA insertions in antisense orientation, in introns and in intergenic regions, in addition to sense insertion at the 5' end of genes. *Journal of experimental botany*, 56(419), 2495-2505. doi: 10.1093/jxb/eri242.
- Stiti, N., Missihoun, T. D., Kotchoni, S. O., Kirch, H. H., & Bartels, D. (2011). Aldehyde Dehydrogenases in *Arabidopsis thaliana*: Biochemical Requirements, Metabolic Pathways, and Functional Analysis. *Frontiers in plant science*, 2, 65. <https://doi.org/10.3389/fpls.2011.00065>

- Stiti, N., Podgórska, K. A., & Bartels, D. (2020). S-Nitrosation impairs activity of stress-inducible aldehyde dehydrogenases from *Arabidopsis thaliana*. *Plant Science*, 292, 110389.
- Stone, S. L. (2019). Role of the ubiquitin proteasome system in plant response to abiotic stress. In *International Review of Cell and Molecular Biology* (Vol. 343, pp. 65-110). Academic Press.
- Strader, L. C., Wheeler, D. L., Christensen, S. E., Berens, J. C., Cohen, J. D., Rampey, R. A., et al. (2011). Multiple facets of *Arabidopsis* seedling development require indole-3-butyric acid-derived auxin. *Plant Cell* 23, 984–999. doi: 10.1105/tpc.111.083071
- Suganami, M., Suzuki, Y., Tazoe, Y., Yamori, W., & Makino, A. (2020). Co-overproducing Rubisco and Rubisco Activase Enhances Photosynthesis in the Optimal Temperature Range in Rice. *Plant Physiology*.
- Sun, B., Wang, P., Wang, R., Li, Y., & Xu, S. (2018). Molecular Cloning and Characterization of a meta/para-O-Methyltransferase from *Lycoris aurea*. *International journal of molecular sciences*, 19(7), 1911. <https://doi.org/10.3390/ijms19071911>
- Sundström, J. F., Vaculova, A., Smertenko, A. P., Savenkov, E. I., Golovko, A., Minina, E., ... & Saarikettu, J. (2009). Tudor staphylococcal nuclease is an evolutionarily conserved component of the programmed cell death degradome. *Nature cell biology*, 11(11), 1347-1354.
- Sung DY, Guy CL. Physiological and molecular assessment of altered expression of Hsc70-1 in *Arabidopsis*. Evidence for pleiotropic consequences. *Plant Physiol.* 2003 Jun; 132(2):979-87.
- Sung, M. K., Reitsma, J. M., Sweredoski, M. J., Hess, S. & Deshaies, R. J. (2016). Ribosomal proteins produced in excess are degraded by the ubiquitin–proteasome system. *Mol. Biol. Cell* <http://dx.doi.org/10.1091/mbc.E16-05-0290>
- Sung, T. Y., Chung, T. Y., Hsu, C. P., & Hsieh, M. H. (2011). The ACR11 encodes a novel type of chloroplastic ACT domain repeat protein that is coordinately expressed with GLN2 in *Arabidopsis*. *BMC plant biology*, 11(1), 118.
- Sunkar, R., Bartels, D., & Kirch, H. H. (2003). Overexpression of a stress-inducible aldehyde dehydrogenase gene from *Arabidopsis thaliana* in transgenic plants improves stress tolerance. *The Plant journal : for cell and molecular biology*, 35(4), 452–464. <https://doi.org/10.1046/j.1365-313x.2003.01819.x>
- Sunkar, R., Kapoor, A., & Zhu, J. K. (2006). Posttranscriptional induction of two Cu/Zn superoxide dismutase genes in *Arabidopsis* is mediated by downregulation of miR398 and important for oxidative stress tolerance. *The Plant cell*, 18(8), 2051–2065. <https://doi.org/10.1105/tpc.106.041673>
- Susiluoto, S., & Berninger, F. (2007). Interactions between morphological and physiological drought responses in *Eucalyptus microtheca*. *Silva Fennica*, 41(2), 221.
- Sutter, J. U., Sieben, C., Hartel, A., Eisenach, C., Thiel, G., & Blatt, M. R. (2007). Abscisic acid triggers the endocytosis of the *Arabidopsis* KAT1 K⁺ channel and its recycling to the plasma membrane. *Current Biology*, 17(16), 1396-1402.
- Suyama, T., Yamada, K., Mori, H., Takeno, K., & Yamaki, S. (1999). Cloning cDNAs for genes preferentially expressed during fruit growth in cucumber. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 124(2), 136-139.
- Suzuki, K., Nakanishi, H., Bower, J., Yoder, D. W., Osteryoung, K. W., & Miyagishima, S. Y. (2009). Plastid chaperonin proteins Cpn60 α and Cpn60 β are required for plastid division in *Arabidopsis thaliana*. *BMC plant biology*, 9(1), 38. doi: 10.1186/1471-2229-9-38.

- Sweetlove L.J., Lytovchenko A., Morgan M., Nunes-Nesi A., Taylor N.L., Baxter C.J., Eickmeier I., Fernie A.R. (2006). Mitochondrial uncoupling protein is required for efficient photosynthesis. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA*, 103, 19587–19592.
- Szklarczyk, D., Morris, J. H., Cook, H., Kuhn, M., Wyder, S., Simonovic, M., ... & Jensen, L. J. (2016). The STRING database in 2017: quality-controlled protein–protein association networks, made broadly accessible. *Nucleic acids research*, gkw937.
- Taipale, M., Jarosz, D. F., & Lindquist, S. (2010). HSP90 at the hub of protein homeostasis: emerging mechanistic insights. *Nature reviews Molecular cell biology*, 11(7), 515-528. <https://doi.org/10.1038/nrm2918>
- Takabayashi, A., Niwata, A., & Tanaka, A. (2016). Direct interaction with ACR11 is necessary for post-transcriptional control of GLU1-encoded ferredoxin-dependent glutamate synthase in leaves. *Scientific reports*, 6(1), 1-10.
- Takagi D, Ifuku K, Ikeda K, Inoue KI, Park P, Tamoi M, Inoue H, Sakamoto K, Saito R, Miyake C. (2016). Suppression of chloroplastic Alkenal/One oxidoreductase represses the carbon catabolic pathway in Arabidopsis leaves during night. *Plant Physiology* 170, 2024–2039.
- Takahashi, F., Suzuki, T., Osakabe, Y., Betsuyaku, S., Kondo, Y., Dohmae, N., ... & Shinozaki, K. (2018). A small peptide modulates stomatal control via abscisic acid in long-distance signalling. *Nature*, 556(7700), 235-238.
- Tang, R. H., Han, S., Zheng, H., Cook, C. W., Choi, C. S., Woerner, T. E., ... & Pei, Z. M. (2007). Coupling diurnal cytosolic Ca²⁺ oscillations to the CAS-IP3 pathway in Arabidopsis. *Science*, 315(5817), 1423-1426.
- Tao T, Zhou C-J, Wang Q, Chen X-R, Sun Q, Zhao T-Y, et al. (2017). Rice black streaked dwarf virus P7-2 forms a SCF complex through binding to Oryza sativa SKP1-like proteins, and interacts with GID2 involved in the gibberellin pathway. *PLoS ONE* 12(5): e0177518. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0177518>
- Tausz M, Merchant A, Kruse J et al (2008) Estimation of drought-related limitations to mid-rotation aged plantation grown Eucalyptus globulus by phloem sap analysis. *For Ecol Manage* 256:844–848. doi: 10.1016/j.foreco.2008.05.045.
- Teng, W., Zhang, H., Wang, W., Li, D., Wang, M., Liu, J., ... & Zhang, Z. (2014). ALY proteins participate in multifaceted Nep1Mo-triggered responses in *Nicotiana benthamiana* and *Arabidopsis thaliana*. *Journal of experimental botany*, 65(9), 2483-2494.
- Teponno, R. B., Kusari, S., & Spiteller, M. (2016). Recent advances in research on lignans and neolignans. *Natural product reports*, 33(9), 1044-1092.
- Tholen, D. and Zhu, X.G. (2011). The mechanistic basis of internal conductance: a theoretical analysis of mesophyll cell photosynthesis and CO₂ diffusion. *Plant Physiol.* 156, 90–105.
- Thomas C, Moreau F, Dieterle M, Hoffmann C, Gatti S, Hofmann C, Van Troys M, Ampe C, Steinmetz A (2007). The LIM domains of WLIM1 define a new class of actin bundling modules. *J Biol Chem* 282:33599–33608
- Thompson, Claudia E.; Freitas, Loreta B.; Salzano, Francisco M. (2018). Molecular evolution and functional divergence of alcohol dehydrogenases in animals, fungi and plants. *Genet. Mol. Biol.*, *Ribeirão Preto*, v. 41, n. 1, supl. 1, p. 341-354. Available from <http://www.scielo.br/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1415-47572018000200341&lng=en&nrm=iso>. access on 18 Nov. 2020. <https://doi.org/10.1590/1678-4685-gmb-2017-0047>.
- Tian, W., Hou, C., Ren, Z., Wang, C., Zhao, F., Dahlbeck, D., ... & Staskawicz, B. J. (2019). A calmodulin-gated calcium channel links pathogen patterns to plant immunity. *Nature*, 572(7767), 131-135.

- Tichá, T., Samakovli, D., Kuchařová, A., Vavrdová, T., & Šamaj, J. (2020). Multifaceted roles of HEAT SHOCK PROTEIN 90 molecular chaperones in plant development. *Journal of Experimental Botany*. doi: 10.1093/jxb/eraa177.
- Tiller, N., Weingartner, M., Thiele, W., Maximova, E., Schöttler, M.A. and Bock, R. (2012). The plastid-specific ribosomal proteins of *Arabidopsis thaliana* can be divided into non-essential proteins and genuine ribosomal proteins. *Plant J*.69, 302–316.
- Timm, S.; Nunes-Nesi, A.; Pärnik, T.; Morgenthal, K.; Wienkoop, S.; Keerberg, O.; Weckwerth, W.; Kleczkowski, L.A.; Fernie, A.R.; Bauwe, H. (2008). A cytosolic pathway for the conversion of hydroxypyruvate to glycerate during photorespiration in *Arabidopsis*. *Plant Cell*, 20(10):2848-59.
- Tombesi, S., Nardini, A., Frioni, T., Soccolini, M., Zadra, C., Farinelli, D., ... & Palliotti, A. (2015). Stomatal closure is induced by hydraulic signals and maintained by ABA in drought-stressed grapevine. *Scientific reports*, 5(1), 1-12. doi: 10.1038/srep12449.
- Tran, L. S. P., Nakashima, K., Sakuma, Y., Osakabe, Y., Qin, F., Simpson, S. D., ... & Yamaguchi-Shinozaki, K. (2007). Co-expression of the stress-inducible zinc finger homeodomain ZFHD1 and NAC transcription factors enhances expression of the ERD1 gene in *Arabidopsis*. *The Plant Journal*, 49(1), 46-63. <https://doi.org/10.1111/j.1365-313X.2006.02932.x>
- Tripathi, S., Dev, I., & Dhyani, S. (2003, September). Amelioration of lignin-copper complex: a new eco-friendly wood preservative from black liquor lignin of wheat straw. In *Proceedings of the National Workshop on Wood Preservation in India. Opportunities, Challenges and Strategies* (pp. 20-21). Ttflorestal. Embrapa, 2019. Disponível em: < <https://www.embrapa.br/florestas/transferecia-de-tecnologia/eucalipto/perguntas-e-respostas>>. Acesso em: 22 de jun. de 2020.
- Turmo, A., Gonzalez-Esquer, C. R., & Kerfeld, C. A. (2017). Carboxysomes: metabolic modules for CO₂ fixation. *FEMS Microbiology Letters*, 364(18), fnx176. doi: 10.1093/femsle/fnx176. PMID: 28934381.
- Tzuri G, Zhou X, Chayut N, Yuan H, Portnoy V, Meir A, Sa'ar U, Baumkoler F, Mazourek M, Lewinsohn E, Fei Z, Schaffer AA, Li L, Burger J, Katzir N, Tadmor Y. (2015). A 'golden' SNP in CmOr governs the fruit flesh color of melon (*Cucumis melo*). *The Plant Journal* 82, 267-279.
- ul Haq, S., Khan, A., Ali, M., Gai, W. X., Zhang, H. X., Yu, Q. H., ... & Gong, Z. H. (2019). Knockdown of CaHSP60-6 confers enhanced sensitivity to heat stress in pepper (*Capsicum annuum* L.). *Planta*, 250(6), 2127-2145.
- UNDRR. (2019). United Nations Office for Disaster Risk Reduction: 2019 annual report. 107. https://www.unisdr.org/files/64454_unisdrannualreport2018eversionlight.pdf
- Usman, M. G., Rafii, M. Y., Ismail, M. R., Malek, M. A., & Latif, M. A. (2015). Expression of target gene Hsp70 and membrane stability determine heat tolerance in chili pepper. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 140, 144–150.
- Valášek, L. S. (2012). 'Ribozoomin'-translation initiation from the perspective of the ribosome-bound eukaryotic initiation factors (eIFs). *Current protein & peptide science*, 13(4), 305. doi: 10.2174/138920312801619385.
- Valášek, L. S., Zeman, J., Wagner, S., Beznosková, P., Pavlíková, Z., Mohammad, M. P., Hronová, V., Herrmannová, A., Hashem, Y., & Gunišová, S. (2017). Embraced by eIF3: structural and functional insights into the roles of eIF3 across the translation cycle. *Nucleic acids research*, 45(19), 10948–10968. <https://doi.org/10.1093/nar/gkx805>

- Valdés, A. E.; Irar, S.; Majada, J. P.; Rodríguez, A.; Fernández, B.; Pagès, M. (2013). Drought tolerance acquisition in *Eucalyptus globulus* (Labill.): A research on plant morphology, physiology and proteomics. *Journal of Proteomics*, 79, 263–276. <https://doi.org/10.1016/j.jprot.2012.12.019>.
- van den Berg, R. A., Hoefsloot, H. C., Westerhuis, J. A., Smilde, A. K., & van der Werf, M. J. (2006). Centering, scaling, and transformations: improving the biological information content of metabolomics data. *BMC genomics*, 7(1), 142.
- van der Oost, J., Huynen, M. A., & Verhees, C. H. (2002). Molecular characterization of phosphoglycerate mutase in archaea. *FEMS microbiology letters*, 212(1), 111–120. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6968.2002.tb11253.x>
- Van Loon, A.F. (2015). Hydrological drought explained. *WIREs Water*, 2, 359–392.
- Vanlerberghe, G. C., Robson, C. A., & Yip, J. Y. (2002). Induction of mitochondrial alternative oxidase in response to a cell signal pathway down-regulating the cytochrome pathway prevents programmed cell death. *Plant Physiology*, 129(4), 1829-1842. doi: 10.1104/pp.002691.
- Vaz Bisneta, M., & Gonçalves-Vidigal, M. C. (2020). Integration of anthracnose resistance loci and RLK and NBS-LRR-encoding genes in the *Phaseolus vulgaris* L. genome. *Crop Science*. Vecchio, M. G., Loganes, C., & Minto, C. (2016). Beneficial and healthy properties of *Eucalyptus* plants: A great potential use. *The Open Agriculture Journal*, 10(1).
- Vellini, A. L. T. T. Desempenho e divergência genética entre clones de *Eucalyptus* spp. em diferentes regimes de irrigação em casa de vegetação. 2007. 94p. Tese (Doutorado em Agronomia – Genética e Melhoramento de Plantas) – Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinárias, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal. (2007).
- Vieira Dos Santos, C., Cuiñé, S., Rouhier, N., & Rey, P. (2005). The *Arabidopsis* plastidic methionine sulfoxide reductase B proteins. Sequence and activity characteristics, comparison of the expression with plastidic methionine sulfoxide reductase A, and induction by photooxidative stress. *Plant physiology*, 138(2), 909–922. <https://doi.org/10.1104/pp.105.062430>
- Vierstra, R. D. (2009). The ubiquitin–26S proteasome system at the nexus of plant biology. *Nature Reviews Molecular Cell Biology*, 10(6), 385-397. doi: 10.1038/nrm2688.
- Voll, L. M., Jamai, A., Renné, P., Voll, H., McClung, C. R., & Weber, A. P. (2006). The photorespiratory *Arabidopsis* *shm1* mutant is deficient in SHM1. *Plant physiology*, 140(1), 59-66. doi: 10.1104/pp.105.071399.
- Voll, L. M., Zell, M. B., Engelsdorf, T., Saur, A., Wheeler, M. G., Drincovich, M. F., Weber, A. P., & Maurino, V. G. (2012). Loss of cytosolic NADP-malic enzyme 2 in *Arabidopsis thaliana* is associated with enhanced susceptibility to *Colletotrichum higginsianum*. *The New phytologist*, 195(1), 189–202. <https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.2012.04129.x>
- von Wirén N., Gazzarrini S., Gojon A., Frommer W.B. (2000). The molecular physiology of ammonium uptake and retrieval. *Curr. Opin. Plant Biol.* 3: 254–261.
- Voss I, Sunil B, Scheibe R, Raghavendra AS (2013). Emerging concept for the role of photorespiration as an important part of abiotic stress response. *Plant Biol* 15:713–722
- Voth, W., & Jakob, U. (2017). Stress-Activated Chaperones: A First Line of Defense. *Trends in biochemical sciences*, 42(11), 899–913. <https://doi.org/10.1016/j.tibs.2017.08.006>
- Wang H, Yan X, Aigner H, Bracher A, Nguyen ND, Hee WY, Long BM, Price GD, Hartl FU, Hayer-Hartl M. (2019a). Rubisco condensate formation by CcmM in beta-carboxysome biogenesis. *Nature* 566: 131–135.
- Wang, H., Liu, C., Ren, Y., Wu, M., Wu, Z., Chen, Y., He, L., Tang, B., Huang, X., Shabala, S., Yu, M., & Huang, L. (2019d). An RNA-binding protein MUG13.4 interacts with AtAGO2 to modulate salinity tolerance in

- Arabidopsis. *Plant science : an international journal of experimental plant biology*, 288, 110218. <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2019.110218>
- Wang, H.; Lin, H.; Liu, D. (2014a). Remotely sensed drought index and its responses to meteorological drought in Southwest China. *Remote Sens. Lett.* 2014, 5, 413–422.
- Wang, J.; Tian, N.; Huang, X.; Chen, L.Y.; Schlappi, M.; Xu, Z.Q. (2009). Tall fescue turf grass class I chitinase is activated by fungal elicitors, dehydration ethylene and mechanical wounding. *Plant Mol. Biol.* 27, 305–314.
- Wang, L., Jin, X., Li, Q., Wang, X., Li, Z., & Wu, X. (2016c). Comparative proteomics reveals that phosphorylation of β carbonic anhydrase 1 might be important for adaptation to drought stress in *Brassica napus*. *Scientific reports*, 6(1), 1-16. doi: 10.1038/srep39024. PMID: 27966654; PMCID: PMC5155245.
- Wang, L., Wang, C., Liu, X., Cheng, J., Li, S., Zhu, J. K., & Gong, Z. (2019b). Peroxisomal β -oxidation regulates histone acetylation and DNA methylation in *Arabidopsis*. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 116(21), 10576-10585. doi: 10.1073/pnas.1904143116.
- Wang, M., Zou, Z., Li, Q. et al. (2017). Heterologous expression of three *Camellia sinensis* small heat shock protein genes confers temperature stress tolerance in yeast and *Arabidopsis thaliana*. *Plant Cell Rep* 36, 1125–1135 <https://doi.org/10.1007/s00299-017-2143-y>
- Wang, W. F., Zong, Y. Z., & Zhang, S. Q. (2014c). Water- and nitrogen-use efficiencies of sweet sorghum seedlings are improved under water stress. *International Journal of Agriculture & Biology*, 16, 285–292.
- Wang, W. H., Chen, J., Liu, T. W., Chen, J., Han, A. D., Simon, M., ... & Zheng, H. L. (2014b). Regulation of the calcium-sensing receptor in both stomatal movement and photosynthetic electron transport is crucial for water use efficiency and drought tolerance in *Arabidopsis*. *Journal of experimental botany*, 65(1), 223-234.
- Wang, W. H., Chen, J., Liu, T. W., Chen, J., Han, A. D., Simon, M., ... & Zheng, H. L. (2014). Regulation of the calcium-sensing receptor in both stomatal movement and photosynthetic electron transport is crucial for water use efficiency and drought tolerance in *Arabidopsis*. *Journal of experimental botany*, 65(1), 223-234.
- Wang, W., Xia, M.X., Chen, J. et al. (2016a). Gene expression characteristics and regulation mechanisms of superoxide dismutase and its physiological roles in plants under stress. *Biochemistry Moscow* 81, 465–480 <https://doi.org/10.1134/S0006297916050047>
- Wang, W., Xu, M., Liu, X., & Tu, J. (2016d). The rice eukaryotic translation initiation factor 3 subunit e (OseIF3e) influences organ size and pollen maturation. *Frontiers in plant science*, 7, 1399.
- Wang, X., & Komatsu, S. (2018). Proteomic approaches to uncover the flooding and drought stress response mechanisms in soybean. *Journal of proteomics*, 172, 201-215.
- Wang, X., Oh, M., Sakata, K., & Komatsu, S. (2016b). Gel-free/label-free proteomic analysis of root tip of soybean over time under flooding and drought stresses. *Journal of Proteomics*, 130, 42-55.
- Wang, Y. J., Jiang, W. X., Zhang, Y. S., Cao, H. Y., Zhang, Y., Chen, X. L., Li, C. Y., Wang, P., Zhang, Y. Z., Song, X. Y., & Li, P. Y. (2019c). Structural Insight Into Chitin Degradation and Thermostability of a Novel Endochitinase From the Glycoside Hydrolase Family 18. *Frontiers in microbiology*, 10, 2457. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.02457>
- Warren CR, Aranda I, Cano FJ (2012). Metabolomics demonstrates divergent responses of two *Eucalyptus* species to water stress. *Metabolomics* 8:186–200. doi: 10.1007/s11306-011-0299-y.

- Watanabe, E., Mano, S., Hara-Nishimura, I., Nishimura, M., & Yamada, K. (2017). HSP90 stabilizes auxin receptor TIR1 and ensures plasticity of auxin responses. *Plant signaling & behavior*, 12(5), e1311439. <https://doi.org/10.1080/15592324.2017.1311439>
- Watanabe, N., & Lam, E. (2011). Arabidopsis metacaspase 2d is a positive mediator of cell death induced during biotic and abiotic stresses. *The Plant Journal*, 66(6), 969-982. doi: 10.1111/j.1365-313X.2011.04554.x.
- Webster, J. M., Darling, A. L., Uversky, V. N., & Blair, L. J. (2019). Small heat shock proteins, big impact on protein aggregation in neurodegenerative disease. *Frontiers in pharmacology*, 10.
- Wei, J., Qiu, X., Chen, L., Hu, W., Hu, R., Chen, J., ... & Shen, G. (2015). The E3 ligase AtCHIP positively regulates Clp proteolytic subunit homeostasis. *Journal of experimental botany*, 66(19), 5809-5820. doi: 10.1093/jxb/erv286.
- Weijers, D., Franke-van Dijk, M., Vencken, R. J., Quint, A., Hooykaas, P. and Offringa, R. (2001). An Arabidopsis Minute-like phenotype caused by a semidominant mutation in a RIBOSOMAL PROTEIN S5 gene. *Development* 128, 4289-4299.
- Weinl, S., Held, K., Schlücking, K., Steinhorst, L., Kuhlert, S., Hippler, M., & Kudla, J. (2008). A plastid protein crucial for Ca²⁺-regulated stomatal responses. *New Phytologist*, 179(3), 675-686.
- Weiss C, Bonshtien A, Farchi-Pisanty O, Vitlin A, Azem A. (2009). Cpn20: Siamese twins of the chaperonin world. *Plant Molecular Biology* 69, 227-238.
- Whitehead, D., Beadle, C.L. (2004) . Physiological regulation of productivity and water use in Eucalyptus: a review. – *Forest Ecology and Management*, 193, 113–140.
- Whittaker, A. and Botha, F.C. (1999). Pyrophosphate: D-fructose-6-phosphate 1-phosphotransferase activity patterns in relation to sucrose storage across sugarcane varieties. *Physiol. Plant.* 107, 379–386.
- Wilkins, M. R.; Sanchez, J. C.; Gooley, A. A.; Appel, R. D.; Humpherysmith, I.; Hochstrasser, D. F.; Williams, K. L. (1995). Progress with proteome projects: why all proteins expressed by a genome should be identified and how to do it. *Biotechnology and Genetic Engineering Reviews*, Newcastle, v. 13, p. 19-50.
- Willats, W. G., McCartney, L., Mackie, W., & Knox, J. P. (2001). Pectin: cell biology and prospects for functional analysis. *Plant molecular biology*, 47(1-2), 9-27.
- Williams, T.G., Flanagan, L.B. and Coleman, J.R. (1996). Photosynthetic gas exchange and discrimination against ¹³CO₂ and C¹⁸O₁₆O in tobacco plants modified by an antisense construct to have low chloroplastic carbonic anhydrase. *Plant Physiol.* 112, 319–326.
- Wilson, K. & Walker, J.M. (2010). *Principles and Techniques of Biochemistry and Molecular Biology*, 7ed. P. 744.
- Winder, S. J., & Ayscough, K. R. (2005). Actin-binding proteins. *Journal of cell science*, 118(4), 651-654.
- Winkel-Shirley, B. (2002). Biosynthesis of flavonoids and effects of stress. *Current opinion in plant biology*, 5(3), 218-223.
- Wolf, D. H., & Stolz, A. (2012). The Cdc48 machine in endoplasmic reticulum associated protein degradation. *Biochimica et biophysica acta*, 1823(1), 117–124. <https://doi.org/10.1016/j.bbamcr.2011.09.002>
- Wu, H., Qu, X., Dong, Z., Luo, L., Shao, C., Forner, J., ... & Zhu, L. (2020). WUSCHEL triggers innate antiviral immunity in plant stem cells. *Science*, 370(6513), 227-231. doi: 10.1126/science.abb7360. PMID: 33033220.
- Wu, J., Wang, Y., Kim, S. G., Jung, K. H., Gupta, R., Kim, J., ... & Kim, S. T. (2017). A secreted chitinase-like protein (OsCLP) supports root growth through calcium signaling in *Oryza sativa*. *Physiologia plantarum*, 161(2), 273-284.
- Xia, J. & Wishart, D.S. (2011). Metabolomic data processing, analysis, and interpretation using MetaboAnalyst *Current Protocols in Bioinformatics*, 14.10.1- 14.10.48.

- Xiong, W., Chen, X., Zhu, C., Zhang, J., Lan, T., Liu, L., Mo, B., & Chen, X. (2020). Arabidopsis paralogous genes RPL23aA and RPL23aB encode functionally equivalent proteins. *BMC plant biology*, 20(1), 463. <https://doi.org/10.1186/s12870-020-02672-1>
- Xu, E., Chen, M., He, H., Zhan, C., Cheng, Y., Zhang, H., & Wang, Z. (2017). Proteomic Analysis Reveals Proteins Involved in Seed Imbibition under Salt Stress in Rice. *Frontiers in plant science*, 7, 2006. <https://doi.org/10.3389/fpls.2016.02006>
- Xu, H.H., Liu, S.J., Song, S.H., Wang, W.Q., Møller, I.M. and Song, S.Q. (2016). Proteome changes associated with dormancy release of Dongxiang wild rice seeds. *J. Plant Physiol.* 206, 68–86.
- Xu, L., Liu, F., Lechner, E., Genschik, P., Crosby, W. L., Ma, H., ... & Xie, D. (2002). The SCFCO11 ubiquitin-ligase complexes are required for jasmonate response in Arabidopsis. *The Plant Cell*, 14(8), 1919-1935. doi: 10.1105/tpc.003368.
- Yacoubi, R., Job, C., Belghazi, M., Chaibi, W., & Job, D. (2013). Proteomic analysis of the enhancement of seed vigour in osmoprimed alfalfa seeds germinated under salinity stress. *Seed Science Research*, 23(2), 99-110.
- Yadav, D., Ahmed, I., Shukla, P., Boyidi, P., & Kirti, P. B. (2016). Overexpression of Arabidopsis AnnAt8 alleviates abiotic stress in transgenic Arabidopsis and tobacco. *Plants*, 5(2), 18.
- Yamaoka, C., Suzuki, Y., & Makino, A. (2016). Differential expression of genes of the Calvin–Benson cycle and its related genes during leaf development in rice. *Plant and Cell Physiology*, 57(1), 115-124. doi: 10.1093/pcp/pcv183.
- Yamauchi Y., Furutera A., Seki K., Toyoda Y., Tanaka K. & Sugimoto Y. (2008). Malondialdehyde generated from peroxidized linolenic acid causes protein modification in heat-stressed plants. *Plant physiology and biochemistry: PPB* 46, 786–793.
- Yamauchi Y., Hasegawa A., Mizutani M. & Sugimoto Y. (2012). Chloroplastic NADPH-dependent alkenal/one oxidoreductase contributes to the detoxification of reactive carbonyls produced under oxidative stress. *FEBS Letters* 586, 1208–1213.
- Yamori, W., Kondo, E., Sugiura, D., Terashima, I., Suzuki, Y., and Makino, A. (2016). Enhanced leaf photosynthesis as a target to increase grain yield: insights from transgenic rice lines with variable Rieske FeS protein content in the cytochrome b6/f complex. *Plant, Cell & Environment*, 39: 80– 87. doi: 10.1111/pce.12594.
- Yan, H., Wang, Y., Hu, B., Qiu, Z., Zeng, B., & Fan, C. (2019). Genome-Wide Characterization, Evolution, and Expression Profiling of VQ Gene Family in Response to Phytohormone Treatments and Abiotic Stress in *Eucalyptus grandis*. *International Journal of Molecular Sciences*, Vol. 20. <https://doi.org/10.3390/ijms20071765>.
- Yang, C., Zang, W., Ji, Y., Li, T., Yang, Y., Zheng, X. (2018a). Ribosomal protein L6 (RPL6) is recruited to DNA damage sites in a poly(ADP-ribose) polymerase–dependent manner and regulates the DNA damage response. *J. Biol. Chem.* 294, 2827–2838. doi: 10.1074/jbc.RA118.007009
- Yang, CY. (2014). Hydrogen peroxide controls transcriptional responses of ERF73/HRE1 and ADH1 via modulation of ethylene signaling during hypoxic stress. *Planta* 239, 877–885 <https://doi.org/10.1007/s00425-013-2020-z>
- Yang, G., Yu, L., Wang, Y., Wang, C., & Gao, C. (2017). The translation initiation factor 1A (TheIF1A) from *Tamarix hispida* is regulated by a Dof transcription factor and increased abiotic stress tolerance. *Frontiers in plant science*, 8, 513.
- Yang, Q. Q., Zhang, C. Q., Chan, M. L., Zhao, D. S., Chen, J. Z., Wang, Q., ... & Liu, Q. Q. (2016). Biofortification of rice with the essential amino acid lysine: molecular characterization, nutritional evaluation, and field performance. *Journal of experimental botany*, 67(14), 4285-4296.

- Yang, Q. Q., Zhao, D. S., Zhang, C. Q., Wu, H. Y., Li, Q. F., Gu, M. H., ... & Liu, Q. Q. (2018b). A connection between lysine and serotonin metabolism in rice endosperm. *Plant physiology*, 176(3), 1965-1980.
- Yang, Q., Zhao, D., & Liu, Q. (2020). Connections between amino acid metabolisms in plants: lysine as an example. *Frontiers in Plant Science*, 11.
- Yang, X., Kim, M. Y., Ha, J., & Lee, S. H. (2019). Overexpression of the soybean NAC gene GmNAC109 increases lateral root formation and abiotic stress tolerance in transgenic *Arabidopsis* plants. *Frontiers in plant science*, 10, 1036.
- Yao Y, Ling Q, Wang H, Huang H (2008). Ribosomal proteins promote leaf adaxial identity. *Development* 135: 1325–1334
- Yao, J., Luo, J.S., Xiao, Y. et al. (2019). The plant defensin gene AtPDF2.1 mediates ammonium metabolism by regulating glutamine synthetase activity in *Arabidopsis thaliana*. *BMC Plant Biol* 19, 557 <https://doi.org/10.1186/s12870-019-2183-2>
- Ye, J., Chen, W., Feng, L., Liu, G., Wang, Y., Li, H., ... & Zhang, Y. (2020). The chaperonin 60 protein SlCpn60 α 1 modulates photosynthesis and photorespiration in tomato. *Journal of Experimental Botany*.doi: 10.1093/jxb/eraa418.
- Ye, W., Jiang, J., Lin, Y. et al. (2019). Colonisation of *Oncidium* orchid roots by the endophyte *Piriformospora indica* restricts *Erwinia chrysanthemi* infection, stimulates accumulation of NBS-LRR resistance gene transcripts and represses their targeting micro-RNAs in leaves. *BMC Plant Biol* 19, 601 <https://doi.org/10.1186/s12870-019-2105-3>
- Yoon, D. H., Lee, S. S., Park, H. J., Lyu, J. I., Chong, W. S., Liu, J. R., ... & Cho, H. S. (2016). Overexpression of OsCYP19-4 increases tolerance to cold stress and enhances grain yield in rice (*Oryza sativa*). *Journal of experimental botany*, 67(1), 69-82.
- Yoshida A, Kosono S, Nishiyama M (2018). Characterization of two 2-isopropylmalate synthase homologs from *Thermus thermophilus* HB27. *Biochem Biophys Res Commun* 501:465–470
- Yu X., James A. T., Yang A., Jones A., Mendoza-Porras O., B  trix C.-A., Ma H., Colgrave M. L. (2016). A comparative proteomic study of drought-tolerant and drought-sensitive soybean seedlings under drought stress. *Crop and Pasture Science* 67, 528-540.
- Yu Xiaxia, Zhang Wenjin, Zhang Yu, Zhang Xiaojia, Lang Duoyong, Zhang Xinhui (2018) The roles of methyl jasmonate to stress in plants. *Functional Plant Biology* 46, 197-212. <https://doi.org/10.1071/FP18106>
- Yu, J., Sun, H., Zhang, J., Hou, Y., Zhang, T., Kang, J., ... & Long, R. (2020). Analysis of Aldo–Keto Reductase Gene Family and Their Responses to Salt, Drought, and Abscisic Acid Stresses in *Medicago truncatula*. *International journal of molecular sciences*, 21(3), 754.
- Yuan, H., Pawlowski, E. G., Yang, Y., Sun, T., Thannhauser, T. W., Mazourek, M., ... & Li, L. (2020). *Arabidopsis* ORANGE protein regulates plastid preprotein import through interacting with Tic proteins. *Journal of Experimental Botany*. doi: 10.1093/jxb/eraa528.
- Yuan, X., Wang, H., Cai, J., Bi, Y., Li, D., & Song, F. (2019). Rice NAC transcription factor ONAC066 functions as a positive regulator of drought and oxidative stress response. *BMC plant biology*, 19(1), 278.
- Zadra  nik T, Hollung K, Egge-Jacobsen W, Megli   V,   u  tar-Vozli   J. Differential proteomic analysis of drought stress response in leaves of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *J Proteomics*. 2013 Jan 14;78:254-72. doi: 10.1016/j.jpro.2012.09.021. Epub 2012 Sep 29. PMID: 23026550.

- Zálešák, F., Bon, D. J. Y. D., & Pospíšil, J. (2019). Lignans and Neolignans: Plant secondary metabolites as a reservoir of biologically active substances. *Pharmacological Research*, 146, 104284.
- Zambelli, B., Stola, M., Musiani, F., De Vriendt, K., Samyn, B., Devreese, B., ... & Ciurli, S. (2005). UreG, a chaperone in the urease assembly process, is an intrinsically unstructured GTPase that specifically binds Zn²⁺. *Journal of Biological Chemistry*, 280(6), 4684-4695.
- Zhang, B., VerBerkmoes, N. C., Langston, M. A., Uberbacher, E., Hettich, R. L., & Samatova, N. F. (2006). Detecting differential and correlated protein expression in label-free shotgun proteomics. *Journal of proteome research*, 5(11), 2909-2918.
- Zhang, H., Ni, Z., Chen, Q., Guo, Z., Gao, W., Su, X., & Qu, Y. (2016). Proteomic responses of drought-tolerant and drought-sensitive cotton varieties to drought stress. *Molecular Genetics and Genomics*, 291(3), 1293–1303. <https://doi.org/10.1007/s00438-016-1188-x>
- Zhang, Y., Ali, U., Zhang, G., Yu, L., Fang, S., Iqbal, S., ... & Guo, L. (2019). Transcriptome analysis reveals genes commonly responding to multiple abiotic stresses in rapeseed. *Molecular Breeding*, 39(11), 158.
- Zhang, Y., Li, Q., Wang, Y., & Sun, L. (2018). Biological Function of Calcium-Sensing Receptor (CAS) and Its Coupling Calcium Signaling in Plants. doi: 10.20944/preprints201812.0028.v1.
- Zhang, Y., Zhao, J., Xiang, Y., Bian, X., Zuo, Q., Shen, Q., ... & Xing, H. (2011). Proteomics study of changes in soybean lines resistant and sensitive to *Phytophthora sojae*. *Proteome science*, 9(1), 52. <https://doi.org/10.1186/1477-5956-9-52>.
- Zhang, Z., Mao, C., Shi, Z., & Kou, X. (2017). The amino acid metabolic and carbohydrate metabolic pathway play important roles during salt-stress response in tomato. *Frontiers in plant science*, 8, 1231.
- Zhao, C., Chen, J., Du, P., & Yuan, H. (2018). Characteristics of climate change and extreme weather from 1951 to 2011 in China. *International journal of environmental research and public health*, 15(11), 2540.
- Zhao, X., Xu, M., Wei, R., & Liu, Y. (2015). Expression of OsCAS (calcium-sensing receptor) in an *Arabidopsis* mutant increases drought tolerance. *PLoS one*, 10(6), e0131272.
- Zhao, Y., Gao, C., Shi, F., Yun, L., Jia, Y., & Wen, J. (2018a). Transcriptomic and proteomic analyses of drought responsive genes and proteins in *Agropyron mongolicum* Keng. *Current Plant Biology*, 14(June), 19–29. <https://doi.org/10.1016/j.cpb.2018.09.005>
- Zhao, Y., Luo, L., Xu, J., Xin, P., Guo, H., Wu, J., Bai, L., Wang, G., Chu, J., Zuo, J., Yu, H., Huang, X., & Li, J. (2018b). Malate transported from chloroplast to mitochondrion triggers production of ROS and PCD in *Arabidopsis thaliana*. *Cell research*, 28(4), 448–461. <https://doi.org/10.1038/s41422-018-0024-8>
- Zhao, Z. X., Xu, Y. J., Lei, Y., Li, Q., Zhao, J. Q., Li, Y., Fan, J., Xiao, S., & Wang, W. M. (2020). ANNEXIN 8 negatively regulates RPW8.1-mediated cell death and disease resistance in *Arabidopsis*. *Journal of integrative plant biology*, 10.1111/jipb.13025. Advance online publication. <https://doi.org/10.1111/jipb.13025>
- Zhao, Z., & Assmann, S. M. (2011). The glycolytic enzyme, phosphoglycerate mutase, has critical roles in stomatal movement, vegetative growth, and pollen production in *Arabidopsis thaliana*. *Journal of experimental botany*, 62(14), 5179–5189. <https://doi.org/10.1093/jxb/err223>
- Zhao, Z., & Assmann, S. M. (2011). The glycolytic enzyme, phosphoglycerate mutase, has critical roles in stomatal movement, vegetative growth, and pollen production in *Arabidopsis thaliana*. *Journal of experimental botany*, 62(14), 5179–5189. <https://doi.org/10.1093/jxb/err223>

- Zheng, X., Wu, M., Li, X., Cao, J., Li, J., Wang, J., Huang, S., Liu, Y., and Wang, Y. (2019). Actin filaments are dispensable for bulk autophagy in plants. *Autophagy* 15: 2126–2141.
- Zhou S, Li M, Guan Q, Liu F, Zhang S, Chen W, Yin L, Qin Y, Ma F. (2015a). Physiological and proteome analysis suggest critical roles for the photosynthetic system for high water-use efficiency under drought stress in *Malus*. *Plant Sci.* 2015 Jul;236:44-60. doi: 10.1016/j.plantsci.2015.03.017. PMID: 26025520.
- Zhou X, Welsch R, Yang Y, Alvarez D, Riediger M, Yuan H, Fish T, Liu J, Thannhauser TW, Li L. (2015b). *Arabidopsis* OR proteins are the major posttranscriptional regulators of phytoene synthase in controlling carotenoid biosynthesis. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 112, 3558-3563.
- Zhou, B., and Zeng, L. (2017). Conventional and unconventional ubiquitination in plant immunity. *Molecular plant pathology* 18, 1313–1330.
- Zhou, C., Zhu, C., Fu, H., Li, X., Chen, L., Lin, Y., Lai, Z., & Guo, Y. (2019). Genome-wide investigation of superoxide dismutase (SOD) gene family and their regulatory miRNAs reveal the involvement in abiotic stress and hormone response in tea plant (*Camellia sinensis*). *PloS one*, 14(10), e0223609. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0223609>
- Zhou, H., Zhao, J., Yang, Y., Chen, C., Liu, Y., Jin, X., Chen, L., Li, X., Deng, X. W., Schumaker, K. S., & Guo, Y. (2012). Ubiquitin-specific protease16 modulates salt tolerance in *Arabidopsis* by regulating Na(+)/H(+) antiport activity and serine hydroxymethyltransferase stability. *The Plant cell*, 24(12), 5106–5122. <https://doi.org/10.1105/tpc.112.106393>
- Zhu, Q., Maher, E. A., Masoud, S., Dixon, R. A., & Lamb, C. J. (1994). Enhanced protection against fungal attack by constitutive co-expression of chitinase and glucanase genes in transgenic tobacco. *Bio/technology*, 12(8), 807-812. Zwirowski, S., Klosowska, A., Obuchowski, I., Nillegoda, N.B., Piróg, A., Ziezkiewicz, S., Bukau, B., Mogk, A., and Liberek, K., Hsp70 displaces small heat shock proteins from aggregates to initiate protein refolding, *EMBO J.*, 2017, vol. 36, p. 783
- Zhu, Y., Jia, X., Wu, Y. et al. (2020). Quantitative proteomic analysis of *Malus halliana* exposed to salt-alkali mixed stress reveals alterations in energy metabolism and stress regulation. *Plant Growth Regul* 90, 205–222 <https://doi.org/10.1007/s10725-019-00563-6>
- Zontov, Y. V., Rodionova, O. Y., Kucheryavskiy, S. V., & Pomerantsev, A. L. (2020). PLS-DA—A MATLAB GUI tool for hard and soft approaches to partial least squares discriminant analysis. *Chemometrics and Intelligent Laboratory Systems*, 104064.

Anexos

ANEXO 1

Anexo 1: Proteínas presentes na rede de interação proteína-proteína para o genótipo Suscetível de folha.

Nós	Identificador	Proteína
SAM1	AT1G02500.1	S-adenosylmethionine synthetase 1
GSTF6	AT1G02930.1	Glutathione S-transferase F6
TIC110	AT1G06950.1	Translocon at the inner envelope membrane of chloroplasts 110
AT1G09200.1	AT1G09200.1	Histone superfamily protein
ARFA1F	AT1G10630.1	Similar to ADP-ribosylation factor gb AAD17207
AT1G11360	AT1G11360.3	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein
RBP45B	AT1G11650.2	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein
AT1G13730	AT1G13730.1	Nuclear transport factor 2 (NTF2) family protein with RNA binding (RRM-RBD-RNP motifs) domain
ELF5A-1	AT1G13950.1	Encodes eukaryotic translation initiation factor 5A (EIF-5A)
AT1G14345	AT1G14345.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein
AT1G16350	AT1G16350.1	Inosine-5'-monophosphate dehydrogenase 2
AT1G19130	AT1G19130.1	Uncharacterized protein At1g19130/F14D16_18
MLP423	AT1G24020.2	MLP-like protein 423 (MLP423)
AT1G24510	AT1G24510.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein
FdC2	AT1G32550.2	2Fe-2S ferredoxin-like superfamily protein
ANNAT1	AT1G35720.1	Annexin D1
RD21A	AT1G47128.1	Granulin repeat cysteine protease family protein
AT1G51980	AT1G51980.1	Probable mitochondrial-processing peptidase subunit alpha-1, mitochondrial
AT1G52510	AT1G52510.1	Alpha/beta-Hydrolases superfamily protein
DJ1B	AT1G53280.1	Class I glutamine amidotransferase-like superfamily protein
AT1G53540	AT1G53540.1	HSP20-like chaperones superfamily protein
LOS1	AT1G56070.1	Ribosomal protein S5/Elongation factor G/III/V family protein
AT1G60690	AT1G60690.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein
ATB2	AT1G60710.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein
MDAR6	AT1G63940.2	Monodehydroascorbate reductase, chloroplastic/mitochondrial
AT1G67280	AT1G67280.1	Glyoxalase/Bleomycin resistance protein/Dioxygenase superfamily protein
HEMB1	AT1G69740.1	Delta-aminolevulinic acid dehydratase 1, chloroplastic
HSP101	AT1G74310.1	Chaperone protein ClpB1
emb2184	AT1G75350.1	50S ribosomal protein L31, chloroplastic
TAPX	AT1G77490.1	Chloroplastic thylakoid ascorbate peroxidase tAPX

MST1	AT1G79230.1	Thiosulfate/3-mercaptopyruvate sulfurtransferase 1, mitochondrial
AT1G80380	AT1G80380.2	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein
AT2G09990	AT2G09990.1	Ribosomal protein S5 domain 2-like superfamily protein
PIP	AT2G14260.1	Proline iminopeptidase
AT2G17033	AT2G17033.2	Pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein
AT2G20690	AT2G20690.1	Putative riboflavin synthase alpha chain
AT2G21960	AT2G21960.1	Uncharacterized protein At2g21960
ALDH11A3	AT2G24270.4	NADP-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase
CSD2	AT2G28190.1	Superoxide dismutase [Cu-Zn] 2, chloroplastic
AT2G28605	AT2G28605.1	Photosystem II reaction center PsbP family protein
PBCP	AT2G30170.1	Protein phosphatase 2C family protein
AT2G30695	AT2G30695.2	Bacterial trigger factor
SBE2.1	AT2G36390.1	1,4-alpha-glucan-branching enzyme 2-1, chloroplastic/amyloplastic
RPL16A	AT2G42740.1	Ribosomal protein large subunit 16A
AT2G44060	AT2G44060.1	Late embryogenesis abundant protein, group 2
UBQ6	AT2G47110.1	Ubiquitin-40S ribosomal protein S27a-2
CP12-1	AT2G47400.1	Calvin cycle protein CP12-1, chloroplastic
AT3G03080	AT3G03080.1	Zinc-binding dehydrogenase family protein
AT3G03890	AT3G03890.1	FMN binding
AT3G10060	AT3G10060.1	FKBP-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein
AT3G11130	AT3G11130.1	Clathrin heavy chain 1
HCHIB	AT3G12500.1	Basic endochitinase B
MBD11	AT3G15790.1	Methyl-CpG-binding domain-containing protein 11
EIF4A-III	AT3G19760.1	Eukaryotic initiation factor 4A-III homolog
RPL15	AT3G25920.1	Plastid ribosomal protein CL15
AT3G27110	AT3G27110.1	Peptidase family M48 family protein
AT3G43540	AT3G43540.1	Initiation factor 4F subunit (DUF1350)
UEV1D-4	AT3G52560.4	Ubiquitin E2 variant 1D-4 (UEV1D-4)
AT3G52580	AT3G52580.1	Ribosomal protein S11 family protein
AT3G52990	AT3G52990.1	Pyruvate kinase family protein
AT3G53990	AT3G53990.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein
AT3G54360	AT3G54360.1	Zinc ion binding
EP3	AT3G54420.1	EP3-3 chitinase
RPL23AB	AT3G55280.1	60S ribosomal protein L23A (RPL23aB)
ASNAP2	AT3G56190.1	Alpha-soluble NSF attachment protein 2
AT3G59780	AT3G59780.1	Rhodanese/Cell cycle control phosphatase superfamily protein
RRF	AT3G63190.1	Chloroplast ribosome recycling factor homologue

APG1	AT3G63410.1	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein
EMB3126	AT3G63490.1	50S ribosomal protein L1, chloroplastic
CCD1	AT3G63520.1	Carotenoid 9,10(9',10')-cleavage dioxygenase 1
NAD-ME2	AT4G00570.1	NAD-dependent malic enzyme (NAD-ME)
AT4G09670	AT4G09670.1	Uncharacterized oxidoreductase At4g09670
AT4G10070	AT4G10070.1	KH domain-containing protein
IIL1	AT4G13430.1	3-isopropylmalate dehydratase large subunit, chloroplastic
AT4G15510	AT4G15510.1	Photosystem II reaction center PsbP family protein
MSRB2	AT4G21860.1	Peptide methionine sulfoxide reductase B2, chloroplastic
APR3	AT4G21990.1	5'-adenylylsulfate reductase 3, chloroplastic
PGI1	AT4G24620.1	Glucose-6-phosphate isomerase 1, chloroplastic
AT4G25740	AT4G25740.1	RNA binding Plectin/S10 domain-containing protein
AT4G27700	AT4G27700.1	Rhodanese/Cell cycle control phosphatase superfamily protein
PFN2	AT4G29350.1	Profilin-2
AT4G32870	AT4G32870.1	Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport superfamily protein
AT4G34670	AT4G34670.1	Ribosomal protein S3Ae
LEJ2	AT4G36910.1	CBS domain-containing protein CBSX1, chloroplastic
AT4G37560	AT4G37560.1	Acetamidase/Formamidase family protein
AT4G39230	AT4G39230.1	NmrA-like negative transcriptional regulator family protein
ADK2	AT5G03300.1	Adenosine kinase 2 (ADK2)
AT5G07020	AT5G07020.1	Protein MAINTENANCE OF PSII UNDER HIGH LIGHT 1
ACT7	AT5G09810.1	Actin-7
AT5G10770	AT5G10770.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein
AT5G12040	AT5G12040.1	Nitrilase/cyanide hydratase
AAC2	AT5G13490.1	ADP,ATP carrier protein 2, mitochondrial
AT5G16880	AT5G16880.1	Target of Myb protein 1
UGP2	AT5G17310.2	UTP--glucose-1-phosphate uridylyltransferase 1
ATMS1	AT5G17920.1	5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase 1
APL1	AT5G19220.1	Glucose-1-phosphate adenylyltransferase large subunit 1, chloroplastic
AT5G20890	AT5G20890.1	TCP-1/cpn60 chaperonin family protein
EMB2024	AT5G24400.1	Probable 6-phosphogluconolactonase 5, chloroplastic
AT5G27470	AT5G27470.1	Seryl-tRNA synthetase / serine--tRNA ligase
AT5G35170	AT5G35170.1	Adenylate kinase 5, chloroplastic
CAC2	AT5G35360.3	Acetyl Co-enzyme a carboxylase biotin carboxylase subunit
GS2	AT5G35630.1	Glutamine synthetase, chloroplastic/mitochondrial
AT5G36210	AT5G36210.1	Alpha/beta-Hydrolases superfamily protein

ASK2	AT5G42190.1	E3 ubiquitin ligase SCF complex subunit SKP1/ASK1 family protein
AMK2	AT5G47840.1	Adenylate kinase 2, chloroplastic
ERD1	AT5G51070.1	Chaperone protein ClpD, chloroplastic
USP	AT5G52560.1	UDP-sugar pyrophosphorylase
HSP90.1	AT5G52640.1	Heat shock protein 90-1
RPL24	AT5G54600.1	Translation protein SH3-like family protein
HSP18.2	AT5G59720.1	Heat shock protein 18-2
PDIL1-4	AT5G60640.1	Disulfide isomerase-like (PDIL) protein
RPE	AT5G61410.1	Ribulose-5-phosphate-3-epimerase mRNA
AT5G66530	AT5G66530.2	Galactose mutarotase-like superfamily protein
ATPE	ATCG00470.1	ATP synthase epsilon chain, chloroplastic

ANEXO 2

Anexo 2: Proteínas presentes na rede de interação proteína-proteína para o genótipo Tolerante de folha.

Nós	Identificador	Proteína
emb2394	AT1G05190.1	50S ribosomal protein L6, chloroplastic
CSD1	AT1G08830.1	Cytosolic copper/zinc superoxide dismutase CSD1
GAPC2	AT1G13440.1	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase GAPC2, cytosolic
AHA10	AT1G17260.1	Autoinhibited H(+)-ATPase isoform 10
AOR	AT1G23740.1	NADPH-dependent alkenal/one oxidoreductase, chloroplastic
MLP423	AT1G24020.2	MLP-like protein 423 (MLP423)
AT1G29880	AT1G29880.1	Glycyl-tRNA synthetase / glycine--tRNA ligase
ACBP6	AT1G31812.1	Acyl-CoA-binding domain-containing protein 6
PGY2	AT1G33140.1	Ribosomal protein L9
CLPP3	AT1G66670.1	ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit 3, chloroplastic
scpl6	AT1G73270.1	Serine carboxypeptidase-like 6
IMS1	AT1G74040.1	2-isopropylmalate synthase 2, chloroplastic
AT1G77940	AT1G77940.1	Ribosomal protein L7Ae/L30e/S12e/Gadd45 family protein
AT1G79870	AT1G79870.1	D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase family protein
MOD1	AT2G05990.2	Enoyl-[acyl-carrier-protein] reductase [NADH], chloroplastic
AKR2B	AT2G17390.1	Ankyrin repeat domain-containing protein 2B
RPS5B	AT2G37270.2	Ribosomal protein S5
AT2G37660	AT2G37660.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein
ChIAKR	AT2G37770.2	NADPH-dependent aldo-keto reductase, chloroplastic
ATCS	AT2G44350.2	Citrate synthase 4, mitochondrial
AT2G46290	AT2G46290.1	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit I
GalS1	AT2G47180.1	Galactinol synthase 1
emb2171	AT3G04400.1	Ribosomal protein L14p/L23e family protein
ACLB-1	AT3G06650.1	ATP-citrate synthase beta chain protein 1
MSD1	AT3G10920.1	Superoxide dismutase [Mn] 1, mitochondrial
AT3G11130	AT3G11130.1	Clathrin heavy chain 1
AT3G17020	AT3G17020.1	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein
AT3G26070	AT3G26070.1	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein
SUS4	AT3G43190.1	Sucrose synthase 4
LOX2	AT3G45140.1	Lipoxygenase 2, chloroplastic

CXE13	AT3G48700.1	Probable carboxylesterase 13
AT3G52950	AT3G52950.1	CBS / octicosapeptide/Phox/Bemp1 (PB1) domains-containing protein
AT3G53430	AT3G53430.1	Ribosomal protein L11 family protein
AT3G58610	AT3G58610.3	Ketol-acid reductoisomerase, chloroplastic
GDI2	AT3G59920.1	Guanosine nucleotide diphosphate dissociation inhibitor 2
AT3G60370	AT3G60370.1	FKBP-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein
LHCA2	AT3G61470.1	Photosystem I chlorophyll a/b-binding protein 2, chloroplastic
TOC159	AT4G02510.1	Translocase of chloroplast 159, chloroplastic
PETC	AT4G03280.1	Cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit, chloroplastic
AT4G10070	AT4G10070.1	KH domain-containing protein
OSM34	AT4G11650.1	Osmotin-like protein
PTAC5	AT4G13670.1	Protein disulfide isomerase pTAC5, chloroplastic
ACX1	AT4G16760.1	Peroxisomal acyl-coenzyme A oxidase 1
PGI1	AT4G24620.1	Glucose-6-phosphate isomerase 1, chloroplastic
AT4G27700	AT4G27700.1	Rhodanese/Cell cycle control phosphatase superfamily protein
AAC3	AT4G28390.1	Mitochondrial ADP/ATP carrier protein
AT4G29410	AT4G29410.1	Ribosomal L28e protein family
SQD1	AT4G33030.1	UDP-sulfoquinovose synthase, chloroplastic
AT4G34090	AT4G34090.3	Cyclin delta-3
HCF244	AT4G35250.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein
ACD2	AT4G37000.1	Red chlorophyll catabolite reductase, chloroplastic
AT4G39230	AT4G39230.1	NmrA-like negative transcriptional regulator family protein
AT5G07020	AT5G07020.1	Protein MAINTENANCE OF PSII UNDER HIGH LIGHT 1
AT5G07090	AT5G07090.1	Ribosomal protein S4 (RPS4A) family protein
EMB3010	AT5G10360.1	40S ribosomal protein S6-2
UAP56b	AT5G11200.2	DEAD/DEAH box RNA helicase family protein
AT5G12470	AT5G12470.1	Protein RETICULATA-RELATED 4, chloroplastic
AAC2	AT5G13490.1	ADP,ATP carrier protein 2, mitochondrial
TT4	AT5G13930.1	Chalcone and stilbene synthase family protein
AT5G13980	AT5G13980.2	Glycosyl hydrolase family 38 protein
AT5G17530	AT5G17530.3	Phosphoglucosamine mutase family protein
TUA3	AT5G19770.1	Tubulin alpha-3
AT5G20080	AT5G20080.1	NADH-cytochrome b5 reductase-like protein
CaS	AT5G23060.1	Calcium sensing receptor, chloroplastic
GME	AT5G28840.2	GDP-D-mannose 3',5'-epimerase
ROF2	AT5G48570.1	FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein

AT5G51970	AT5G51970.1	GroES-like zinc-binding alcohol dehydrogenase family protein
OMT1	AT5G54160.1	Flavone 3'-O-methyltransferase 1
Hsp81.4	AT5G56000.1	HEAT SHOCK PROTEIN 81.4
EMB3143	AT5G58250.1	YCF54
PDX2	AT5G60540.1	Probable pyridoxal 5'-phosphate synthase subunit PDX2
AT5G65620	AT5G65620.1	Organellar oligopeptidase A, chloroplastic/mitochondrial
ARA12	AT5G67360.1	Subtilisin-like protease SBT1.7
PSBD	ATCG00270.1	Photosystem II reaction center protein D

ANEXO 3

Anexo 3: Proteínas presentes na rede de interação proteína-proteína para o genótipo Suscetível de caule.

Nós	Identificador	Proteína
AT1G02305	AT1G02305.1	Cysteine proteinases superfamily protein
AT1G04040	AT1G04040.1	HAD superfamily, subfamily IIIB acid phosphatase
SDD1	AT1G04110.1	Subtilisin-like protease SBT1.2
VAMP726	AT1G04760.1	Putative vesicle-associated membrane protein 726
PMD2	AT1G06530.1	Peroxisomal and mitochondrial division factor 2
AT1G06550	AT1G06550.1	ATP-dependent caseinolytic (Clp) protease/crotonase family protein
AT1G07920	AT1G07930.1	GTP binding Elongation factor Tu family protein
CRT1b	AT1G09210.1	Calreticulin 1b
ACLA-3	AT1G09430.1	ATP-citrate synthase alpha chain protein 3
SEC22	AT1G11890.1	25.3 kDa vesicle transport protein
AT1G12050	AT1G12050.1	Fumarylacetoacetase, putative
AT1G13130	AT1G13130.1	Cellulase (glycosyl hydrolase family 5) protein
AT1G13730	AT1G13730.1	Nuclear transport factor 2 (NTF2) family protein
SYP51	AT1G16240.1	Syntaxins-51
GAMMACA1	AT1G19580.1	Gamma carbonic anhydrase 1, mitochondrial
AT1G20110	AT1G20110.1	RING/FYVE/PHD zinc finger superfamily protein
AT1G21380	AT1G21380.1	Target of Myb protein 1
MAP70-2	AT1G24764.1	Microtubule-associated proteins 70-2
SP1L1	AT1G26355.1	SPIRAL1-LIKE1
AT1G29370	AT1G29370.1	RNA polymerase II degradation factor-like protein (DUF1296)
ERD4	AT1G30360.1	Early-responsive to dehydration stress protein (ERD4)
ACBP6	AT1G31812.1	Acyl-CoA-binding domain-containing protein 6
AT1G32470	AT1G32470.1	Glycine cleavage system H protein 3, mitochondrial
RKL1	AT1G48480.1	Probable inactive receptor kinase At1g48480
Y14	AT1G51510.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein
IAR3	AT1G51760.1	IAA-amino acid hydrolase ILR1-like 4
AT1G53540	AT1G53540.1	HSP20-like chaperones superfamily protein
RPT1A	AT1G53750.1	26S proteasome regulatory subunit 7 homolog A
AT1G58070	AT1G58070.1	Uncharacterized protein At1g58070
AT1G58170	AT1G58170.1	Disease resistance-responsive (dirigent-like protein) family protein
RXF12	AT1G58370.1	Glycosyl hydrolase family 10 protein
DL3	AT1G59610.1	Dynamin-like 3
AT1G60690	AT1G60690.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein

TIM13	AT1G61570.1	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit TIM13
NRS/ER	AT1G63000.1	Bifunctional dTDP-4-dehydrorhamnose 3,5-epimerase/dTDP-4-dehydrorhamnose reductase
AT1G72160	AT1G72160.1	Sec14p-like phosphatidylinositol transfer family protein
CADG	AT1G72680.1	Probable cinnamyl alcohol dehydrogenase 1
IMS1	AT1G74040.1	2-isopropylmalate synthase 2, chloroplastic
ADH1	AT1G77120.1	Alcohol dehydrogenase class-P
CCP2	AT1G77710.1	Ubiquitin-fold modifier 1
RHM1	AT1G78570.1	Rhamnose biosynthesis 1
AT1G78880	AT1G78880.1	Ubiquitin-specific protease family C19-related protein
AT1G79620	AT1G79620.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein
ATMAP65-6	AT2G01910.1	Microtubule associated protein (MAP65/ASE1) family protein
AT2G02570	AT2G02570.1	Nucleic acid binding RNA binding
VPS2.1	AT2G06530.1	Vacuolar protein sorting-associated protein 2 homolog 1
NIR1	AT2G15620.1	Ferredoxin--nitrite reductase, chloroplastic
AKR2B	AT2G17390.1	Ankyrin repeat domain-containing protein 2B
AT2G20360	AT2G20360.1	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 9, mitochondrial
CLPB4	AT2G25140.1	ClpB4
CPN60A	AT2G28000.1	Chaperonin 60 subunit alpha 1, chloroplastic
FUC1	AT2G28100.1	Alpha-L-fucosidase 1
GLTP1	AT2G33470.1	Glycolipid transfer protein 1
AT2G33620	AT2G33620.2	AT-hook motif nuclear-localized protein 10
AT2G36410	AT2G36410.1	Family of unknown function (DUF662)
RCA	AT2G39730.1	Ribulose biphosphate carboxylase/oxygenase activase, chloroplastic
CYT1	AT2G39770.1	Glucose-1-phosphate adenylyltransferase family protein
VLN2	AT2G41740.1	Villin-2
GPX3	AT2G43350.2	Probable glutathione peroxidase 3, mitochondrial
AT2G45120	AT2G45120.1	C2H2-like zinc finger protein
PMM	AT2G45790.1	Phosphomannomutase
PTI1-4	AT2G47060.4	Probable receptor-like protein kinase At2g47060
MEE32	AT3G06350.1	Bifunctional 3-dehydroquinate dehydratase/shikimate dehydrogenase, chloroplastic
UBC11	AT3G08690.2	Ubiquitin-conjugating enzyme E2 11
APX2	AT3G09640.1	Cytosolic ascorbate peroxidase APX2
Cpn60beta2	AT3G13470.1	Chaperonin 60 subunit beta 2, chloroplastic
CTL2	AT3G16920.1	Chitinase-like protein 2
NPSN13	AT3G17440.1	Novel plant SNARE 13

ATCAD4	AT3G19450.1	GroES-like zinc-binding alcohol dehydrogenase family protein
AT3G21215	AT3G21215.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein
AT3G23750	AT3G23750.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein
LTA2	AT3G25860.1	2-oxoacid dehydrogenases acyltransferase family protein
CM1	AT3G29200.1	Chorismate mutase 1, chloroplastic
AT3G44620	AT3G44620.2	Protein tyrosine phosphatases
AT3G45850	AT3G45850.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein
DUT1	AT3G46940.1	Deoxyuridine 5'-triphosphate nucleotidohydrolase
AT3G48140	AT3G48140.1	B12D protein
AT3G52990	AT3G52990.1	Pyruvate kinase family protein
WLIM2b	AT3G55770.7	GATA type zinc finger transcription factor family protein
AT3G56130	AT3G56130.1	Biotin/lipoyl attachment domain-containing protein
AT3G56310	AT3G56310.1	Melibiase family protein
AUD1	AT3G62830.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein
RPS13A	AT4G00100.1	Ribosomal protein S13 homologue
PIP1;4	AT4G00430.1	Plasma membrane intrinsic protein 1
RBP-DR1	AT4G03110.1	RNA-binding protein-defense related 1
PUX4	AT4G04210.1	Arabidopsis thaliana CDC48-interacting UBX-domain protein (PUX4)
UGE5	AT4G10960.1	UDP-D-glucose/UDP-D-galactose 4-epimerase 5
AT4G11120	AT4G11120.1	Translation elongation factor Ts (EF-Ts), putative
AT4G12780	AT4G12780.1	Chaperone DnaJ-domain superfamily protein
NIG	AT4G13350.2	GTPase
UCH3	AT4G17510.1	Ubiquitin C-terminal hydrolase 3 (UCH3)
AT4G17520	AT4G17520.1	RGG repeats nuclear RNA binding protein B
AGD8	AT4G17890.1	Probable ADP-ribosylation factor GTPase-activating protein AGD8
LDOX	AT4G22880.1	Leucoanthocyanidin dioxygenase
RBP31	AT4G24770.1	31 kDa ribonucleoprotein, chloroplastic
HSP23.6	AT4G25200.1	Mitochondrion-localized small heat shock protein 23.6
AT4G25370	AT4G25370.1	ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit CLPT1, chloroplastic
PFK3	AT4G26270.1	ATP-dependent 6-phosphofructokinase 3
PPI1	AT4G27500.1	Proton pump-interactor 1
AT4G29680	AT4G29680.1	Alkaline-phosphatase-like family protein
AT4G32330	AT4G32330.1	TPX2 (targeting protein for Xklp2) protein family
DAP	AT4G33680.1	Pyridoxal phosphate (PLP)-dependent transferases superfamily protein
AT4G33945	AT4G33945.1	Uncharacterized protein At4g33940
EDA9	AT4G34200.1	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase 1, chloroplastic
APX3	AT4G35000.1	Ascorbate peroxidase APX3
MEE59	AT4G37300.1	Uncharacterized protein At4g37300

SHM1	AT4G37930.1	Serine hydroxymethyltransferase 1, mitochondrial
AT4G39230	AT4G39230.1	NmrA-like negative transcriptional regulator family protein
CAD9	AT4G39330.1	Probable cinnamyl alcohol dehydrogenase 9
H3.3	AT4G40030.2	Histone superfamily protein
MC9	AT5G04200.1	Metacaspase-9
CHIL	AT5G05270.1	Chalcone-flavanone isomerase family protein
PIRL1	AT5G05850.1	PIRL1
ASPGA1	AT5G08100.1	N-terminal nucleophile aminohydrolases (Ntn hydrolases) superfamily protein
KAC1	AT5G10470.2	Kinesin like protein for actin based chloroplast movement 1
AT5G11720	AT5G11720.1	Glycosyl hydrolases family 31 protein
AT5G11880	AT5G11880.1	Pyridoxal-dependent decarboxylase family protein
AT5G12300	AT5G12300.1	Calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain) family protein
5-FCL	AT5G13050.1	5-formyltetrahydrofolate cyclo-ligase, mitochondrial
AT5G16550	AT5G16550.1	Voltage-dependent L-type calcium channel subunit
AT5G22580	AT5G22580.1	Stress-response A/B barrel domain-containing protein At5g22580
AT5G23750	AT5G23750.1	Remorin family protein
PYR6	AT5G26667.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein
GME	AT5G28840.2	GDP-D-mannose 3',5'-epimerase
CAC2	AT5G35360.3	Acetyl Co-enzyme a carboxylase biotin carboxylase subunit
GLN1-1	AT5G37600.1	Glutamine synthetase cytosolic isozyme 1-1
UBQ9	AT5G37640.1	Polyubiquitin 9
RBCS3B	AT5G38410.3	Ribulose bisphosphate carboxylase small chain 3B, chloroplastic
PHB3	AT5G40770.1	Prohibitin-3, mitochondrial
HOT5	AT5G43940.2	GroES-like zinc-binding dehydrogenase family protein
RABA1c	AT5G45750.1	Ras-related protein RABA1c
SAG12	AT5G45890.1	Senescence-specific cysteine protease SAG12
PFD3	AT5G49510.1	Probable prefoldin subunit 3
CEP1	AT5G50260.1	Cysteine proteinases superfamily protein
AT5G50840	AT5G50840.2	Alpha-taxilin-like protein
FSD2	AT5G51100.1	Superoxide dismutase [Fe] 2, chloroplastic
BAG1	AT5G52060.1	BAG family molecular chaperone regulator 1
HSP90.1	AT5G52640.1	Heat shock protein 90-1
AT5G53330	AT5G53330.1	Ubiquitin-associated/translation elongation factor EF1B protein
PDC2	AT5G54960.1	Pyruvate decarboxylase-2
MAP65-1	AT5G55230.2	65-kDa microtubule-associated protein 1
PSL4	AT5G56360.1	Glucosidase 2 subunit beta

ADF4	AT5G59890.1	Actin-depolymerizing factor 4
CXE20	AT5G62180.1	Probable carboxylesterase 120
HA11	AT5G62670.1	ATPase 11, plasma membrane-type
HIR1	AT5G62740.1	SPFH/Band 7/PHB domain-containing membrane-associated protein family
At5g63400	AT5G63400.1	Adenylate kinase 4
XYL4	AT5G64570.1	Beta-D-xylosidase 4
PLP3b	AT5G66410.1	Thioredoxin domain-containing protein PLP3B

ANEXO 4

Anexo 4: Proteínas presentes na rede de interação proteína-proteína para o genótipo Tolerante de caule.

Nós	Identificador	Proteína
AT1G02305	AT1G02305.1	Cysteine proteinases superfamily protein
GSTF6	AT1G02930.1	Glutathione S-transferase F6
VPS2.3	AT1G03950.1	Vacuolar protein sorting-associated protein 2 homolog 3
AT1G05350	AT1G05350.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein
RABA5E	AT1G05810.1	Ras-related protein RABA5e
AT1G06550	AT1G06550.1	ATP-dependent caseinolytic (Clp) protease/crotonase family protein
AT1G07400	AT1G07400.1	HSP20-like chaperones superfamily protein
AXS2	AT1G08200.1	UDP-D-apiose/UDP-D-xylose synthase 2
AT1G09010	AT1G09010.1	Mannosylglycoprotein endo-beta-mannosidase
RAB11c	AT1G09630.1	Ras-related protein RABA2a
WLIM1	AT1G10200.1	GATA type zinc finger transcription factor family protein
APA1	AT1G11910.1	Aspartic proteinase A1
At1g13690	AT1G13690.1	AtE1
PGL1	AT1G13700.1	Probable 6-phosphogluconolactonase 1
DL1C	AT1G14830.1	Dynamin-related protein 1C
AT1G14960	AT1G14960.1	Polyketide cyclase/dehydrase
AT1G15130	AT1G15130.1	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein
Hsp70b	AT1G16030.1	Heat shock 70 kDa protein 5
GAMMACA1	AT1G19580.1	Gamma carbonic anhydrase 1, mitochondrial
AT1G21320	AT1G21320.1	Nucleotide binding
MLP423	AT1G24020.2	MLP-like protein 423 (MLP423)
AT1G24360	AT1G24360.1	3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] reductase, chloroplastic
VTI1B	AT1G26670.1	Vesicle transport v-SNARE family protein
NTF2B	AT1G27970.2	Nuclear transport factor 2B
AT1G29040	AT1G29040.1	Uncharacterized protein At1g29040
GRF11	AT1G34760.1	14-3-3-like protein GF14 omicron
RKL1	AT1G48480.1	Probable inactive receptor kinase At1g48480
AT1G49740	AT1G49740.1	PLC-like phosphodiesterases superfamily protein
Y14	AT1G51510.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein
IAR3	AT1G51760.1	IAA-amino acid hydrolase ILR1-like 4
LysoPL2	AT1G52760.1	Caffeoylshikimate esterase
AT1G53540	AT1G53540.1	HSP20-like chaperones superfamily protein

RPT1A	AT1G53750.1	26S proteasome regulatory subunit 7 homolog A
UKL3	AT1G55810.3	Uridine kinase-like protein 3
AT1G58070	AT1G58070.1	Uncharacterized protein At1g58070
RXF12	AT1G58370.1	Glycosyl hydrolase family 10 protein / carbohydrate-binding domain-containing protein
PTAC4	AT1G65260.1	Membrane-associated protein VIPP1, chloroplastic
XYL1	AT1G68560.1	Alpha-xylosidase 1
AT1G71950	AT1G71950.1	Uncharacterized protein At1g71950
AT1G72880	AT1G72880.1	Survival protein SurE-like phosphatase/nucleotidase
scpl6	AT1G73270.1	Serine carboxypeptidase-like 6
AT1G79620	AT1G79620.1	Leucine-rich repeat protein kinase family protein
PDE331	AT2G01190.1	Octicosapeptide/Phox/Bem1p family protein
EXGT-A3	AT2G01850.1	Probable xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein 27
ATMAP65-6	AT2G01910.1	Microtubule associated protein (MAP65/ASE1) family protein
AT2G05920	AT2G05920.1	Subtilisin-like protease SBT1.8
emb2444	AT2G18510.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein
PMDH1	AT2G22780.1	Peroxisomal NAD-malate dehydrogenase 1
HA5	AT2G24520.1	ATPase 5, plasma membrane-type
NET4B	AT2G30500.2	Kinase interacting (KIP1-like) family protein
AT2G32090	AT2G32090.1	Lactoylglutathione lyase / glyoxalase I family protein
AT2G32520	AT2G32520.1	Alpha/beta-Hydrolases superfamily protein
CB5-B	AT2G32720.1	Cytochrome b5 isoform B
AT2G33845	AT2G33845.1	Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein
LHB1B1	AT2G34430.1	Light-harvesting chlorophyll-protein complex II subunit B1
AT2G37870	AT2G37870.1	Bifunctional inhibitor/lipid-transfer protein/seed storage 2S albumin superfamily protein
AT2G40290	AT2G40290.1	Eukaryotic translation initiation factor 2 subunit alpha homolog
LAC5	AT2G40370.1	Laccase-5
CYP98A3	AT2G40890.1	Cytochrome P450, family 98, subfamily A, polypeptide 3
EMB2766	AT2G45000.1	Structural constituent of nuclear pore
AT2G46630	AT2G46630.1	Serine/arginine repetitive matrix protein
AT2G47970	AT2G47970.1	Nuclear pore localisation protein NPL4
SEOR1	AT3G01680.1	Protein SIEVE ELEMENT OCCLUSION B
IPP2	AT3G02780.1	Isopentenyl pyrophosphate:dimethylallyl pyrophosphate isomerase 2
RPSAb	AT3G04770.1	40S ribosomal protein Sa-2
DRT102	AT3G04880.1	DNA-damage-repair/toleration protein (DRT102)
ACBP4	AT3G05420.2	Acyl-CoA-binding domain-containing protein 4
AT3G07470	AT3G07470.1	Protein of unknown function, DUF538
APX2	AT3G09640.1	Ascorbate peroxidase APX2

SCPL49	AT3G10410.1	SERINE CARBOXYPEPTIDASE-LIKE 49
AT3G12020	AT3G12020.2	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein
AT3G12050	AT3G12050.1	Uncharacterized protein T21B14.13
HCHIB	AT3G12500.1	Basic endochitinase B
AT3G13990	AT3G13990.1	Kinase-related protein of unknown function (DUF1296)
RIP1	AT3G15000.1	Multiple organellar RNA editing factor 8, chloroplastic/mitochondrial
AT3G15010	AT3G15010.2	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein
GRX4	AT3G15660.1	Monothiol glutaredoxin-S15, mitochondrial
AT3G16190	AT3G16190.1	Probable inactive nicotinamidase At3g16190
KIN13A	AT3G16630.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein
CTL2	AT3G16920.1	Chitinase-like protein 2
PYD1	AT3G17810.1	Dihydropyrimidine dehydrogenase (NADP(+)), chloroplastic
AT3G17940	AT3G17940.1	Galactose mutarotase-like superfamily protein
AT3G19000	AT3G19000.1	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase superfamily protein
PBD1	AT3G22630.1	Proteasome subunit beta type-2-A
AT3G23600	AT3G23600.1	Contains similarity to endo-1,3-1,4-beta-D-glucanase
CM1	AT3G29200.1	Chorismate mutase 1, chloroplastic
SUS4	AT3G43190.1	Sucrose synthase 4
DUT1	AT3G46940.1	Deoxyuridine 5'-triphosphate nucleotidohydrolase
AT3G47590	AT3G47590.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein
F3H	AT3G51240.1	Naringenin,2-oxoglutarate 3-dioxygenase
ROC2	AT3G56070.1	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP19-3
EIF3E	AT3G57290.1	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit E
DL1E	AT3G60190.1	Dynamin-related protein 1E
AT3G60210	AT3G60210.1	10 kDa chaperonin 1, chloroplastic
HA7	AT3G60330.2	ATPase 7, plasma membrane-type
NSF	AT4G04910.1	AAA-type ATPase family protein
RFNR1	AT4G05390.1	Ferredoxin--NADP reductase, root isozyme 1, chloroplastic
IBR1	AT4G05530.1	Short-chain dehydrogenase/reductase SDRA
AT4G09670	AT4G09670.1	Uncharacterized oxidoreductase At4g09670
CYTC-2	AT4G10040.1	Cytochrome c-2
ATHSP22.0	AT4G10250.1	HSP20-like chaperones superfamily protein
AT4G12060	AT4G12060.1	ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit CLPT2, chloroplastic
AT4G12770	AT4G12770.1	Chaperone DnaJ-domain superfamily protein
NIG	AT4G13350.2	GTPase
AT4G14300	AT4G14300.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein
ATARD2	AT4G14710.5	1,2-dihydroxy-3-keto-5-methylthiopentene dioxygenase 3

AT4G15790	AT4G15790.1	Uveal autoantigen with coiled-coil/ankyrin
ECH1A	AT4G16210.1	Probable enoyl-CoA hydratase 1, peroxisomal
PCAP1	AT4G20260.4	Plasma membrane-associated cation-binding protein 1
AT4G21580	AT4G21580.1	Oxidoreductase, zinc-binding dehydrogenase family protein
HIP1	AT4G22670.1	FAM10 family protein At4g22670
CIP7	AT4G27430.2	COP1-interacting protein 7
PPI1	AT4G27500.1	Proton pump-interactor 1
HSP21	AT4G27670.1	Heat shock protein 21, chloroplastic
AT4G29680	AT4G29680.1	Alkaline-phosphatase-like family protein
MTO2	AT4G29840.1	Pyridoxal-5'-phosphate-dependent enzyme family protein
GAMMA-VPE	AT4G32940.1	Vacuolar-processing enzyme gamma-isozyme
DRP3A	AT4G33650.2	Dynamin-related protein 3A
AT4G35220	AT4G35220.1	Cyclase family protein
CYP84A1	AT4G36220.1	Ferulic acid 5-hydroxylase 1
MEE59	AT4G37300.1	Uncharacterized protein At4g37300
AT4G38810	AT4G38810.2	Calcium-binding EF-hand family protein
AT4G39150	AT4G39150.1	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing protein
AT4G39860	AT4G39860.1	Unknown protein
RSR4	AT5G01410.1	Pyridoxal 5'-phosphate synthase subunit PDX1.3
MAN6	AT5G01930.1	Glycosyl hydrolase superfamily protein
RPN8A	AT5G05780.1	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 7 homolog A
AT5G08060	AT5G08060.1	Uncharacterized protein At5g08060/F13G24_260
AGAL1	AT5G08380.1	Alpha-galactosidase 1
EMB2107	AT5G09900.3	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 12 homolog A
KAC1	AT5G10470.2	Kinesin like protein
SEC10	AT5G12370.2	Exocyst complex component SEC10a
AT5G15270	AT5G15270.2	RNA-binding KH domain-containing protein
GNA1	AT5G15770.1	Glucosamine 6-phosphate N-acetyltransferase
RIN1	AT5G22330.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein
AT5G23400	AT5G23400.1	Leucine-rich repeat (LRR) family protein
AT5G23750	AT5G23750.1	Remorin family protein
AT5G25070	AT5G25070.1	Uncharacterized protein At5g25070
CAC2	AT5G35360.3	Acetyl Co-enzyme a carboxylase biotin carboxylase subunit
ALY4	AT5G37720.1	THO complex subunit 4D
RBCS3B	AT5G38410.3	Ribulose biphosphate carboxylase small chain 3B, chloroplastic
PHB3	AT5G40770.1	Prohibitin-3, mitochondrial
DL1	AT5G42080.1	Dynamin-related protein 1A
PER64	AT5G42180.1	Peroxidase superfamily protein

ASK2	AT5G42190.1	E3 ubiquitin ligase SCF complex subunit SKP1/ASK1 family protein
AT5G42740	AT5G42740.1	Glucose-6-phosphate isomerase, cytosolic
AT5G43960	AT5G43960.1	Nuclear transport factor 2 (NTF2) family protein with RNA binding (RRM-RBD-RNP motifs) domain
RABA1c	AT5G45750.1	Ras-related protein RABA1c
SAG12	AT5G45890.1	Senescence-specific cysteine protease SAG12
CHLI2	AT5G45930.1	Magnesium-chelatase subunit ChII-2, chloroplastic
VAM3	AT5G46860.1	Syntaxin/t-SNARE family protein
AT5G47550	AT5G47550.1	Cystatin/monellin superfamily protein
UBC27	AT5G50870.2	Ubiquitin-conjugating enzyme E2 27
FUM2	AT5G50950.1	Fumarate hydratase 2, chloroplastic
BAG1	AT5G52060.1	BAG family molecular chaperone regulator 1
LTI65	AT5G52300.1	Low-temperature-induced 65 kDa protein
HSP90.1	AT5G52640.1	Heat shock protein 90-1
GLT1	AT5G53460.1	Glutamate synthase 1 [NADH], chloroplastic
OMT1	AT5G54160.1	Flavone 3'-O-methyltransferase 1
MAP65-1	AT5G55230.2	65-kDa microtubule-associated protein 1
VDAC4	AT5G57490.1	Mitochondrial outer membrane protein porin 4
AT5G57580	AT5G57580.1	Calmodulin-binding protein 60 B
AT5G60160	AT5G60160.1	Zn-dependent exopeptidases superfamily protein
AT5G61170	AT5G61170.1	Ribosomal protein S19e family protein
IPK2BETA	AT5G61760.1	Inositol polyphosphate multikinase beta
CXE20	AT5G62180.1	Probable carboxylesterase 120
ALDH12A1	AT5G62530.1	Delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase 12A1, mitochondrial
AT5G64130	AT5G64130.3	cAMP-regulated phosphoprotein 19-related protein
At5g66400	AT5G66400.1	Dehydrin protein family
PLP3b	AT5G66410.1	Thioredoxin domain-containing protein PLP3B

ANEXO 5

Anexo 5: Proteínas presentes na rede de interação proteína-proteína para o genótipo Suscetível de raiz.

Nós	Identificador	Proteína
PPa1	AT1G01050.1	Soluble inorganic pyrophosphatase 1
AT1G06550	AT1G06550.1	ATP-dependent caseinolytic (Clp) protease/crotonase family protein
AT1G07660.1	AT1G07660.1	Histone superfamily protein
IMPA-4	AT1G09270.1	Importin subunit alpha-4
AT1G11360	AT1G11360.3	Adenine nucleotide alpha hydrolases-like superfamily protein
APA1	AT1G11910.1	Aspartic proteinase A1
AT1G14950	AT1G14950.1	Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport superfamily protein
AT1G17860	AT1G17860.1	Kunitz family trypsin and protease inhibitor protein
BTF3	AT1G17880.1	Basic transcription factor 3 (BTF3)
GAMMACA1	AT1G19580.1	Gamma carbonic anhydrase 1, mitochondrial
AT1G21680	AT1G21680.1	DPP6 N-terminal domain-like protein
AT1G23750	AT1G23750.1	Nucleic acid-binding, OB-fold-like protein
MLP423	AT1G24020.2	MLP-like protein 423 (MLP423)
AT1G24360	AT1G24360.1	3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] reductase, chloroplastic
AT1G29880	AT1G29880.1	glycyl-tRNA synthetase / glycine--tRNA ligase
PGY2	AT1G33140.1	Ribosomal protein L9
AT1G34030.1	AT1G34030.1	Ribosomal protein S13/S18 family
AT1G44180	AT1G44180.1	Peptidase M20/M25/M40 family protein
THFS	AT1G50480.1	10-formyltetrahydrofolate synthetase (THFS) mRNA, complete
HTA9	AT1G52740.1	Probable histone H2A variant 3
LysoPL2	AT1G52760.1	Caffeoylshikimate esterase
LOS1	AT1G56070.1	Ribosomal protein S5/Elongation factor G/III/V family protein
AT1G60420	AT1G60420.1	DC1 domain-containing protein
AT1G60690	AT1G60690.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein
AT1G60730	AT1G60730.3	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein
BGLU46	AT1G61820.1	Beta-glucosidase 46
NRS/ER	AT1G63000.1	Bifunctional dTDP-4-dehydrorhamnose 3,5-epimerase/dTDP-4-dehydrorhamnose reductase
AT1G63220	AT1G63220.1	Calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain) family protein
AT1G65560	AT1G65560.1	Zinc-binding dehydrogenase family protein
CADG	AT1G72680.1	Probable cinnamyl alcohol dehydrogenase 1
AT1G74050	AT1G74050.1	Ribosomal protein L6 family protein
GR-RBP5	AT1G74230.1	Glycine-rich RNA-binding protein 5, mitochondrial

DHAR2	AT1G75270.1	Glutathione S-transferase DHAR2
ADH1	AT1G77120.1	Alcohol dehydrogenase class-P
UBC35	AT1G78870.1	Ubiquitin-conjugating enzyme E2 35
MST1	AT1G79230.1	Thiosulfate/3-mercaptopyruvate sulfurtransferase 1, mitochondrial
AT1G80360	AT1G80360.1	Pyridoxal phosphate (PLP)-dependent transferases superfamily protein
RPI-11	AT2G03440.1	Nodulin-related protein 1
AT2G03510	AT2G03510.1	SPFH/Band 7/PHB domain-containing membrane-associated protein family
AT2G03550	AT2G03550.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein
CDA1	AT2G19570.1	Cytidine deaminase 1
AAT	AT2G22250.2	Bifunctional aspartate aminotransferase and glutamate/aspartate-prephenate aminotransferase
AT2G30050	AT2G30050.1	Transducin family protein / WD-40 repeat family protein
GSTF9	AT2G30860.1	Glutathione S-transferase PHI 9
PKT3	AT2G33150.1	3-ketoacyl-CoA thiolase 2, peroxisomal
AT2G35380	AT2G35380.1	Peroxidase superfamily protein
AT2G37660	AT2G37660.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein
ChIAKR	AT2G37770.2	NADPH-dependent aldo-keto reductase, chloroplastic
EULS3	AT2G39050.1	Hydroxyproline-rich glycoprotein family protein
EIF2	AT2G39990.1	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit F
SFGH	AT2G41530.1	S-formylglutathione hydrolase
AT2G45300	AT2G45300.1	RNA 3'-terminal phosphate cyclase/enolpyruvate transferase, alpha/beta
AT3G02560	AT3G02560.2	Ribosomal protein S7e family protein
AT3G02770	AT3G02770.1	Ribonuclease E inhibitor RraA/Dimethylmenaquinone methyltransferase
AT3G03670	AT3G03670.1	Peroxidase superfamily protein
AT3G03980	AT3G03980.1	NADPH-dependent aldehyde reductase-like protein, chloroplastic
BCE2	AT3G06850.1	2-oxoacid dehydrogenases acyltransferase family protein
AT3G07720	AT3G07720.1	Galactose oxidase/kelch repeat superfamily protein
iPGAM2	AT3G08590.2	Probable 2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase 2
AT3G09630	AT3G09630.1	Ribosomal protein L4/L1 family
APX2	AT3G09640.1	Ascorbate peroxidase APX2
MSD1	AT3G10920.1	Superoxide dismutase [Mn] 1, mitochondrial
AT3G11130	AT3G11130.1	Clathrin heavy chain 1
AT3G11780	AT3G11780.2	MD-2-related lipid recognition domain-containing protein / ML domain-containing protein
AT3G13930	AT3G13930.1	Dihydrolipoamide acetyltransferase, long form protein
PAE2	AT3G14290.1	Proteasome subunit alpha type-5-B
AT3G23600	AT3G23600.1	Contains similarity to endo-1,3-1,4-beta-D-glucanase
SUS4	AT3G43190.1	Sucrose synthase 4

AT3G47590	AT3G47590.1	Alpha/beta-Hydrolases superfamily protein
ALDH2B4	AT3G48000.1	Aldehyde dehydrogenase family 2 member B4, mitochondrial
AT3G48140	AT3G48140.1	B12D protein
AT3G53430	AT3G53430.1	Ribosomal protein L11 family protein
P5CS2	AT3G55610.1	Delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthase B
EIF3E	AT3G57290.1	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit E
AT3G58610	AT3G58610.3	Ketol-acid reductoisomerase, chloroplastic
RS27A	AT3G61110.1	40S ribosomal protein S27-2
AT4G01870	AT4G01870.1	tolB protein-related
AT4G02340	AT4G02340.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein
CYTC-2	AT4G10040.1	Cytochrome c-2
OSM34	AT4G11650.1	Osmotin-like protein
IIL1	AT4G13430.1	3-isopropylmalate dehydratase large subunit, chloroplastic
AT4G15940	AT4G15940.1	Fumarylacetoacetate (FAA) hydrolase family
EXLB1	AT4G17030.1	EXLB1 (expansin-like B1)
AT4G17260	AT4G17260.1	Lactate/malate dehydrogenase family protein
AT4G17520	AT4G17520.1	RGG repeats nuclear RNA binding protein B
TPP2	AT4G20850.1	Tripeptidyl Peptidase II
AT4G21580	AT4G21580.1	Oxidoreductase, zinc-binding dehydrogenase family protein
HIP1	AT4G22670.1	FAM10 family protein At4g22670
LDOX	AT4G22880.1	Leucoanthocyanidin dioxygenase
FBA5	AT4G26530.2	Fructose-bisphosphate aldolase 5, cytosolic
AT4G29410	AT4G29410.1	Ribosomal L28e protein family
AT4G30010	AT4G30010.1	Uncharacterized protein AT4g30010
EDA9	AT4G34200.1	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase 1, chloroplastic
AT4G34670	AT4G34670.1	Ribosomal protein S3Ae
AKR2	AT4G35450.5	Ankyrin repeat domain-containing protein 2A
ELI3-1	AT4G37980.1	Cinnamyl alcohol dehydrogenase 7
ELI3-2	AT4G37990.1	Cinnamyl alcohol dehydrogenase 8
AT4G38810	AT4G38810.2	Calcium-binding EF-hand family protein
MOS11	AT5G02770.1	Protein MODIFIER OF SNC1 11
AtCDC48C	AT5G03340.1	Cell division control protein 48 homolog E
ACR12	AT5G04740.1	ACT domain-containing protein ACR12
AT5G07030	AT5G07030.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein
AGAL1	AT5G08380.1	Alpha-galactosidase 1
MTHSC70-2	AT5G09590.1	Heat shock 70 kDa protein 10, mitochondrial
EMB3010	AT5G10360.1	40S ribosomal protein S6-2
AT5G10770	AT5G10770.1	Eukaryotic aspartyl protease family protein

HSP17.6II	AT5G12020.1	17.6 kDa class II heat shock protein (HSP17.6II)
AT5G13440	AT5G13440.1	Cytochrome b-c1 complex subunit Rieske-2, mitochondrial
PHT3;1	AT5G14040.1	Mitochondrial phosphate carrier protein 3, mitochondrial
FDH	AT5G14780.1	Formate dehydrogenase, chloroplastic/mitochondrial
AT5G16940	AT5G16940.1	Uncharacterized protein At5g16940/F2K13_90
TUA3	AT5G19770.1	Tubulin alpha-3
AT5G23540	AT5G23540.1	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 14 homolog
AT5G24510	AT5G24510.1	60S acidic ribosomal protein family
AT5G25450	AT5G25450.1	Cytochrome bd ubiquinol oxidase, 14kDa subunit
CID6	AT5G25540.1	Polyadenylate-binding protein-interacting protein 6
DEG14	AT5G27660.1	Trypsin family protein with PDZ domain
GME	AT5G28840.2	GDP-D-mannose 3',5'-epimerase
GLN1-1	AT5G37600.1	Glutamine synthetase cytosolic isozyme 1-1
AT5G40490	AT5G40490.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein
AT5G40810	AT5G40810.1	Cytochrome c1 2, heme protein, mitochondrial
AT5G42220	AT5G42220.1	Ubiquitin-like superfamily protein
DELTA-OAT	AT5G46180.1	Ornithine aminotransferase, mitochondrial
AT5G47030	AT5G47030.1	ATP synthase subunit delta', mitochondrial
MAB1	AT5G50850.1	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit beta-1, mitochondrial
FSD2	AT5G51100.1	Superoxide dismutase [Fe] 2, chloroplastic
LTI65	AT5G52300.1	Low-temperature-induced 65 kDa protein
emb2731	AT5G55940.1	ER membrane protein complex subunit 8/9 homolog
AT5G61510	AT5G61510.1	GroES-like zinc-binding alcohol dehydrogenase family protein
CXE20	AT5G62180.1	Probable carboxylesterase 120
ALDH12A1	AT5G62530.1	Delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase 12A1, mitochondrial
At5g63400	AT5G63400.1	Adenylate kinase 4
AT5G63620	AT5G63620.1	GroES-like zinc-binding alcohol dehydrogenase family protein
XYL4	AT5G64570.1	Beta-D-xylosidase 4
ARA12	AT5G67360.1	Subtilisin-like protease SBT1.7
At5g67590	AT5G67590.1	NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 4, mitochondrial

ANEXO 6

Anexo 6: Proteínas presentes na rede de interação proteína-proteína para o genótipo Tolerante de raiz.

Nós	Identificador	Proteína
RA-5	AT1G02130.1	Ras-related protein RABD2a
URH2	AT1G05620.1	Probable uridine nucleosidase 2
PMD2	AT1G06530.1	Peroxisomal and mitochondrial division factor 2
AT1G07040	AT1G07040.1	Uncharacterized protein At1g07040
AT1G07380	AT1G07380.1	Neutral/alkaline non-lysosomal ceramidase
AT1G07920	AT1G07930.1	GTP binding Elongation factor Tu family protein
CSD1	AT1G08830.1	Copper/zinc superoxide dismutase CSD1
SRC2	AT1G09070.1	Soybean gene regulated by cold-2
APA1	AT1G11910.1	Aspartic proteinase A1
AT1G13730	AT1G13730.1	Nuclear transport factor 2 (NTF2) family protein
AT1G14650	AT1G14650.2	SWAP (Suppressor-of-White-APricot)/surp domain-containing protein / ubiquitin family protein
HMGA	AT1G14900.1	HMG-Y-related protein A
AT1G21080	AT1G21080.3	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing protein
AT1G21380	AT1G21380.1	Target of Myb protein 1
AT1G21630	AT1G21630.2	Calcium-binding EF hand family protein
AT1G21680	AT1G21680.1	DPP6 N-terminal domain-like protein
AT1G22410	AT1G22410.1	Phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase
NTF2B	AT1G27970.2	Nuclear transport factor 2B
scpl18	AT1G33540.1	Serine carboxypeptidase-like 18
AT1G34030.1	AT1G34030.1	Ribosomal protein S13/S18 family
GRF11	AT1G34760.1	14-3-3-like protein GF14 omicron
AT1G42960	AT1G42960.1	Uncharacterized protein At1g42960
ALDH3H1	AT1G44170.2	Aldehyde dehydrogenase family 3 member H1
AT1G45170	AT1G45170.1	Outer envelope pore protein 24A, chloroplastic
HON5	AT1G48620.1	High mobility group A5
Y14	AT1G51510.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein
AT1G52380	AT1G52380.1	Nuclear pore complex protein NUP50A
LysoPL2	AT1G52760.1	Caffeoylshikimate esterase
AT1G53540	AT1G53540.1	HSP20-like chaperones superfamily protein
PBG1	AT1G56450.1	20S proteasome beta subunit G1
ATB2	AT1G60710.1	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein
FD2	AT1G60950.1	2Fe-2S ferredoxin-like superfamily protein

BGLU46	AT1G61820.1	Beta-glucosidase 46
AT1G63220	AT1G63220.1	Calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain) family protein
AT1G65560	AT1G65560.1	Zinc-binding dehydrogenase family protein
AT1G71695	AT1G71695.1	Peroxidase superfamily protein
CADG	AT1G72680.1	Probable cinnamyl alcohol dehydrogenase 1
scpl6	AT1G73270.1	Serine carboxypeptidase-like 6
GR-RBP5	AT1G74230.1	Glycine-rich RNA-binding protein 5, mitochondrial
MST1	AT1G79230.1	Thiosulfate/3-mercaptopyruvate sulfurtransferase 1, mitochondrial
AT1G79870	AT1G79870.1	D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase family protein
AT2G03510	AT2G03510.1	SPFH/Band 7/PHB domain-containing membrane-associated protein family
NRPB3	AT2G15430.1	DNA-directed RNA polymerases II, IV and V subunit 3
HB1	AT2G16060.1	Non-symbiotic hemoglobin 1
DSK2	AT2G17200.1	Ubiquitin domain-containing protein DSK2b
AKR2B	AT2G17390.1	Ankyrin repeat domain-containing protein 2B
emb2444	AT2G18510.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein
FVE	AT2G19520.1	Transducin family protein / WD-40 repeat family protein
SNF7.2	AT2G19830.1	Vacuolar protein sorting-associated protein 32 homolog 1
AT2G21250	AT2G21250.1	Putative NADPH-dependent mannose 6-phosphate reductase
RPN13	AT2G26590.2	26S proteasome regulatory subunit RPN13
SE	AT2G27100.1	C2H2 zinc-finger protein SERRATE (SE)
GSTU7	AT2G29420.1	Glutathione S-transferase U7
GSTF9	AT2G30860.1	Glutathione S-transferase PHI 9
ASPI	AT2G30970.1	Aspartate aminotransferase, mitochondrial
PKT3	AT2G33150.1	3-ketoacyl-CoA thiolase 2, peroxisomal
UREG	AT2G34470.2	Urease accessory protein G
AT2G37870	AT2G37870.1	Bifunctional inhibitor/lipid-transfer protein/seed storage 2S albumin superfamily protein
SDR5	AT2G47140.1	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein
AT3G01190	AT3G01190.1	Peroxidase superfamily protein
AT3G03590	AT3G03590.1	Uncharacterized protein At3g03590/T12J13_13
AT3G03980	AT3G03980.1	NADPH-dependent aldehyde reductase-like protein, chloroplastic
emb2171	AT3G04400.1	Ribosomal protein L14p/L23e family protein
RPSAb	AT3G04770.1	40S ribosomal protein Sa-2
AT3G05560	AT3G05560.3	Ribosomal L22e protein family
AT3G05950	AT3G05950.1	Germin-like protein subfamily 1 member 7
AT3G06610	AT3G06610.1	DNA-binding enhancer protein-related
AT3G09630	AT3G09630.1	Ribosomal protein L4/L1 family

SCPL49	AT3G10410.1	SERINE CARBOXYPEPTIDASE-LIKE 49
MSD1	AT3G10920.1	Superoxide dismutase [Mn] 1, mitochondrial
AT3G11130	AT3G11130.1	Clathrin heavy chain 1
HCHIB	AT3G12500.1	Basic endochitinase B
DDI1	AT3G13235.1	Uncharacterized protein At3g13235
Cpn60beta2	AT3G13470.1	Chaperonin 60 subunit beta 2, chloroplastic
AT3G15010	AT3G15010.2	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein
HS1	AT3G17210.1	Stress-response A/B barrel domain-containing protein HS1
PYD1	AT3G17810.1	Dihydropyrimidine dehydrogenase (NADP(+)), chloroplastic
AT3G17940	AT3G17940.1	Galactose mutarotase-like superfamily protein
AT3G19480	AT3G19480.1	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase 3, chloroplastic
NFU4	AT3G20970.1	NifU-like protein 4, mitochondrial
EIF4B1	AT3G26400.1	Eukaryotic translation initiation factor 4B1
ATRZ-1A	AT3G26420.1	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein
HA8	AT3G42640.1	ATPase 8, plasma membrane-type
SUS4	AT3G43190.1	Sucrose synthase 4
AT3G47590	AT3G47590.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein
CXE12	AT3G48690.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein
NACA2	AT3G49470.1	Nascent polypeptide-associated complex subunit alpha-like protein 2
XERO1	AT3G50980.1	Dehydrin xero 1 (XERO1)
F3H	AT3G51240.1	Naringenin,2-oxoglutarate 3-dioxygenase
LOS4	AT3G53110.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein
RPL23AB	AT3G55280.1	60S ribosomal protein L23A (RPL23aB)
AT3G55410	AT3G55410.1	2-oxoglutarate dehydrogenase, E1 component
P5CS2	AT3G55610.1	Delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthase B
ROC2	AT3G56070.1	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP19-3
AT3G57490	AT3G57490.1	Ribosomal protein S5 family protein
AT3G60440	AT3G60440.1	Phosphoglycerate mutase family protein
ROC4	AT3G62030.2	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP20-3, chloroplastic
ATERDJ3B	AT3G62600.1	DNAJ heat shock family protein
AT3G62940	AT3G62940.3	OTU-containing deubiquitinating enzyme 5 isoform i
RANGAP1	AT3G63130.2	RAN GTPase activating protein 1
SAM-2	AT4G01850.1	S-adenosylmethionine synthetase 2
SAR2	AT4G02080.1	Secretion-associated RAS super family 2
AT4G02340	AT4G02340.1	alpha/beta-Hydrolases superfamily protein
AT4G02580	AT4G02580.1	NADH dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein 2, mitochondrial
PUX4	AT4G04210.1	Arabidopsis thaliana CDC48-interacting UBX-domain protein (PUX4)
AHL1	AT4G12080.1	AT-hook motif nuclear-localized protein 1

AT4G13440	AT4G13440.1	Calcium-binding EF-hand family protein
EXLB1	AT4G17030.1	EXLB1 (expansin-like B1)
ChiC	AT4G19810.1	Glycosyl hydrolase family protein
AT4G19880	AT4G19880.2	Glutathione S-transferase family protein
AT4G24820	AT4G24820.1	26S proteasome, regulatory subunit Rpn7
PMSR4	AT4G25130.1	Peptide methionine sulfoxide reductase A4, chloroplastic
AT4G25740	AT4G25740.1	RNA binding Plectin/S10 domain-containing protein
GGT4	AT4G29210.1	Gamma-glutamyl transpeptidase 4
AT4G29410	AT4G29410.1	Ribosomal L28e protein family
La1	AT4G32720.1	La protein 1
GLDP1	AT4G33010.1	Glycine dehydrogenase (decarboxylating) 1, mitochondrial
DRP3A	AT4G33650.2	Dynamin-related protein 3A
EDA9	AT4G34200.1	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase 1, chloroplastic
AT4G36750	AT4G36750.1	Probable NAD(P)H dehydrogenase (quinone) FQR1-like 2
MTN1	AT4G38800.1	5'-methylthioadenosine/S-adenosylhomocysteine nucleosidase 1
AT4G39860	AT4G39860.1	Unknown protein
AT5G05010	AT5G05010.1	Clathrin adaptor complexes medium subunit family protein
AGAL1	AT5G08380.1	Alpha-galactosidase 1
AT5G09500	AT5G09500.1	Ribosomal protein S19 family protein
EMB3010	AT5G10360.1	40S ribosomal protein S6-2
ASP3	AT5G11520.1	Aspartate aminotransferase 3, chloroplastic
HSP17.6II	AT5G12020.1	17.6 kDa class II heat shock protein (HSP17.6II)
AT5G16730	AT5G16730.1	WEB family protein At5g16730, chloroplastic
EIF2B	AT5G20920.3	Eukaryotic translation initiation factor 2 subunit beta
AT5G20950	AT5G20950.1	Glycosyl hydrolase family protein
J2	AT5G22060.1	Chaperone protein dnaJ 2
NIT4	AT5G22300.1	Bifunctional nitrilase/nitrile hydratase NIT4
RIN1	AT5G22330.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein
AT5G22440	AT5G22440.2	Ribosomal protein L1p/L10e family
AT5G23540	AT5G23540.1	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 14 homolog
AT5G25450	AT5G25450.1	Cytochrome bd ubiquinol oxidase, 14kDa subunit
PYR6	AT5G26667.1	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases superfamily protein
TIF3B1	AT5G27640.2	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit B
AT5G28050	AT5G28050.2	Cytidine/deoxycytidylate deaminase family protein
AT5G36230	AT5G36230.1	Uncharacterized protein At5g36230
GLN1-1	AT5G37600.1	Glutamine synthetase cytosolic isozyme 1-1
AT5G38900	AT5G38900.1	Thioredoxin superfamily protein

AT5G39160	AT5G39160.1	Germin-like protein subfamily 1 member 18
ETFBETA	AT5G43430.1	Electron transfer flavoprotein subunit beta
AT5G43960	AT5G43960.1	Nuclear transport factor 2 (NTF2) family protein
CLPP4	AT5G45390.1	ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit 4, chloroplastic
SAG12	AT5G45890.1	Senescence-specific cysteine protease SAG12
DELTA-OAT	AT5G46180.1	Ornithine aminotransferase, mitochondrial
HCT	AT5G48930.1	Shikimate O-hydroxycinnamoyltransferase
CP31B	AT5G50250.1	RNA-binding protein CP31B, chloroplastic
LTI65	AT5G52300.1	Low-temperature-induced 65 kDa protein
HSP90.1	AT5G52640.1	Heat shock protein 90-1
OMT1	AT5G54160.1	Flavone 3'-O-methyltransferase 1
MAP65-1	AT5G55230.2	65-kDa microtubule-associated protein 1
AT5G55530	AT5G55530.1	Calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain) family protein
AT5G57580	AT5G57580.1	Calmodulin-binding protein 60 B
AT5G60160	AT5G60160.1	Zn-dependent exopeptidases superfamily protein
AT5G61820	AT5G61820.1	Stress up-regulated Nod 19 protein
CXE20	AT5G62180.1	Probable carboxylesterase 120
GSTU9	AT5G62480.1	Glutathione S-transferase tau 9
CYP94B1	AT5G63450.1	Cytochrome P450, family 94, subfamily B, polypeptide 1
FKBP12	AT5G64350.1	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP12
XYL4	AT5G64570.1	Beta-D-xylosidase 4
NFS1	AT5G65720.1	Cysteine desulfurase, mitochondrial
ARA12	AT5G67360.1	Subtilisin-like protease SBT1.7

ANEXO 7

Anexo 7: Proteínas significativas pelo teste t (p-valor < 0,05) para o genótipo Suscetível de folha. ID = identificação dentro da base de dados do *Phytozome*, FC = Fold Change, razão entre as abundâncias das proteínas Controle e Estressado; log₂(FC) = fold change logarítimo; p.adjusted = valor de p ajustado; -log₁₀(p) = valor de p logarítimo de 10.

ID	FC	log ₂ (FC)	p.adjusted	-log ₁₀ (p)
Eucgr.E00655.6	5.1201	2.3562	3.86E-05	4.4136
Eucgr.D02537.1	5.1608	2.3676	3.87E-05	4.4127
Eucgr.G02684.1	5.1283	2.3585	3.87E-05	4.4127
Eucgr.F01462.1	5.2819	2.4011	0.00010829	3.9654
Eucgr.H00245.1	5.1429	2.3626	0.00010829	3.9654
Eucgr.H03423.1	5.2174	2.3833	0.00012236	3.9124
Eucgr.A02641.1	5.3347	2.4154	0.00013093	3.883
Eucgr.L00891.1	0.18769	-2.4136	0.00013093	3.883
Eucgr.C00962.1	5.2981	2.4055	0.00013847	3.8586
Eucgr.E00653.1	5.354	2.4206	0.00021891	3.6597
Eucgr.J02731.1	5.4269	2.4401	0.00023575	3.6276
Eucgr.H02913.1	0.19022	-2.3942	0.00029461	3.5308
Eucgr.F03537.1	5.6197	2.4905	0.00063287	3.1987
Eucgr.H04904.1	5.5998	2.4854	0.000816	3.0883
Eucgr.C02952.1	5.6647	2.502	0.00083168	3.08
Eucgr.D01310.1	5.7374	2.5204	0.00093506	3.0292
Eucgr.K02521.1	0.17484	-2.5159	0.0011569	2.9367
Eucgr.L02942.1	5.8398	2.5459	0.0017512	2.7567
Eucgr.B03803.1	5.7696	2.5285	0.0017512	2.7567
Eucgr.I00053.1	5.5534	2.4734	0.0017512	2.7567
Eucgr.I00323.1	5.6962	2.51	0.0018957	2.7222
Eucgr.L03160.1	5.9914	2.5829	0.0020203	2.6946
Eucgr.D01338.1	6.0527	2.5976	0.0020612	2.6859
Eucgr.K03545.1	6.0917	2.6068	0.0022179	2.6541
Eucgr.J02478.1	6.0841	2.6051	0.0022179	2.6541
Eucgr.G03387.1	6.0562	2.5984	0.0022179	2.6541
Eucgr.F02574.1	5.7194	2.5159	0.0022179	2.6541
Eucgr.B01475.1	6.1458	2.6196	0.0022726	2.6435
Eucgr.F04458.3	5.7689	2.5283	0.0023705	2.6252
Eucgr.B01163.1	5.7468	2.5228	0.0023811	2.6232
Eucgr.A00020.1	0.16232	-2.6231	0.0026055	2.5841
Eucgr.L03611.1	6.0362	2.5936	0.0026055	2.5841
Eucgr.H01287.1	5.9525	2.5735	0.0026055	2.5841
Eucgr.F04344.2	6.3008	2.6555	0.0026169	2.5822
Eucgr.J03079.1	6.2838	2.6516	0.0026174	2.5821
Eucgr.F02905.1	0.16297	-2.6173	0.0026174	2.5821
Eucgr.L01103.1	0.16884	-2.5662	0.0026174	2.5821

Eucgr.A02971.1	5.6712	2.5037	0.0026784	2.5721
Eucgr.H04482.1	6.0987	2.6085	0.0027293	2.564
Eucgr.I01133.1	6.3861	2.6749	0.0027395	2.5623
Eucgr.F01221.5	6.1605	2.623	0.0027395	2.5623
Eucgr.F03416.2	0.15657	-2.6751	0.0029693	2.5273
Eucgr.K00410.1	6.3428	2.6651	0.0029693	2.5273
Eucgr.F01878.1	0.16788	-2.5745	0.0029693	2.5273
Eucgr.G02443.2	6.3332	2.6629	0.0034376	2.4637
Eucgr.B01189.1	6.4724	2.6943	0.0034805	2.4584
Eucgr.G03333.2	6.4511	2.6895	0.0034805	2.4584
Eucgr.G03178.1	6.4255	2.6838	0.0034805	2.4584
Eucgr.G02521.1	6.3774	2.673	0.0034805	2.4584
Eucgr.K02414.1	6.2415	2.6419	0.0034805	2.4584
Eucgr.C01646.2	0.16031	-2.641	0.0037791	2.4226
Eucgr.A00010.3	6.7905	2.7635	0.0044009	2.3565
Eucgr.G01099.1	6.7097	2.7463	0.0044009	2.3565
Eucgr.B01108.2	17.554	4.1337	0.0047336	2.3248
Eucgr.K02489.1	0.15505	-2.6892	0.0051861	2.2852
Eucgr.H03316.1	0.14125	-2.8237	0.0061743	2.2094
Eucgr.E00291.1	0.15651	-2.6756	0.0062019	2.2075
Eucgr.K01500.1	7.0316	2.8138	0.0062143	2.2066
Eucgr.H02093.1	6.9357	2.794	0.0062143	2.2066
Eucgr.C02177.1	0.14177	-2.8184	0.0063828	2.195
Eucgr.C03791.2	0.13924	-2.8443	0.0064071	2.1933
Eucgr.F03796.1	0.14702	-2.766	0.0064071	2.1933
Eucgr.B03930.2	6.7657	2.7582	0.0064071	2.1933
Eucgr.K01249.1	0.15806	-2.6615	0.0064071	2.1933
Eucgr.B02376.1	0.1355	-2.8837	0.0072806	2.1378
Eucgr.D02251.1	0.13559	-2.8827	0.0072806	2.1378
Eucgr.F02133.1	6.7991	2.7653	0.0075152	2.1241
Eucgr.B01108.1	0.16122	-2.6329	0.0078059	2.1076
Eucgr.C03178.1	7.4948	2.9059	0.0083474	2.0784
Eucgr.J01861.1	7.3946	2.8865	0.0083474	2.0784
Eucgr.G02720.1	7.5032	2.9075	0.008854	2.0529
Eucgr.H00243.1	0.13969	-2.8397	0.009	2.0458
Eucgr.F02423.1	0.1295	-2.949	0.0092483	2.0339
Eucgr.G03075.1	7.6885	2.9427	0.0093761	2.028
Eucgr.J02055.1	7.7453	2.9533	0.0098975	2.0045
Eucgr.F02985.1	0.133	-2.9105	0.0098975	2.0045
Eucgr.E03674.1	7.3388	2.8755	0.0098975	2.0045
Eucgr.I02515.1	7.1065	2.8291	0.0098975	2.0045
Eucgr.H05122.1	7.8521	2.9731	0.0099208	2.0035
Eucgr.L01102.1	0.14318	-2.8041	0.0099208	2.0035
Eucgr.L00011.1	7.7578	2.9556	0.0099813	2.0008
Eucgr.F02656.1	0.1293	-2.9513	0.010167	1.9928
Eucgr.K01017.1	0.12369	-3.0152	0.010241	1.9897

Eucgr.G03374.1	0.12289	-3.0246	0.010391	1.9833
Eucgr.I01495.1	0.12796	-2.9662	0.010391	1.9833
Eucgr.H01176.5	0.12332	-3.0195	0.010429	1.9818
Eucgr.C00416.1	0.12278	-3.0259	0.011022	1.9577
Eucgr.G02317.1	0.12096	-3.0474	0.011376	1.944
Eucgr.F03085.1	7.5493	2.9163	0.011772	1.9292
Eucgr.C03305.1	6.9098	2.7886	0.011772	1.9292
Eucgr.E00656.1	0.1356	-2.8826	0.012322	1.9093
Eucgr.F01770.1	7.483	2.9036	0.01236	1.908
Eucgr.K00588.2	7.958	2.9924	0.012737	1.8949
Eucgr.C02177.2	6.698	2.7437	0.012841	1.8914
Eucgr.H01473.1	0.13144	-2.9275	0.012958	1.8874
Eucgr.G01561.1	0.12848	-2.9604	0.013306	1.876
Eucgr.F00026.1	0.11283	-3.1478	0.014604	1.8355
Eucgr.A01929.1	0.11464	-3.1248	0.014637	1.8346
Eucgr.C01174.1	8.7475	3.1289	0.015893	1.7988
Eucgr.A00159.1	8.0154	3.0028	0.015893	1.7988
Eucgr.C00706.1	0.10828	-3.2071	0.016756	1.7758
Eucgr.L02232.2	0.10652	-3.2308	0.017422	1.7589
Eucgr.L02535.1	0.10557	-3.2437	0.01833	1.7368
Eucgr.I01649.1	8.5909	3.1028	0.01833	1.7368
Eucgr.F03856.1	9.6003	3.2631	0.018362	1.7361
Eucgr.B03239.1	0.10539	-3.2462	0.01947	1.7106
Eucgr.C00350.1	6.9552	2.7981	0.01967	1.7062
Eucgr.I01461.1	9.3107	3.2189	0.021272	1.6722
Eucgr.G03107.1	0.13954	-2.8413	0.021523	1.6671
Eucgr.B02496.1	10.276	3.3613	0.021821	1.6611
Eucgr.G01088.2	10.235	3.3555	0.022115	1.6553
Eucgr.F02310.1	10.484	3.3901	0.02488	1.6042
Eucgr.L01249.1	8.8308	3.1425	0.02488	1.6042
Eucgr.I01027.1	0.11137	-3.1665	0.026241	1.581
Eucgr.E02909.1	0.10222	-3.2902	0.026396	1.5785
Eucgr.C02653.1	4.6099	2.2047	0.027381	1.5626
Eucgr.H00260.1	12.22	3.6112	0.034843	1.4579
Eucgr.A01425.1	8.9783	3.1664	0.034843	1.4579
Eucgr.L01334.1	0.081205	-3.6223	0.038445	1.4152
Eucgr.H02295.2	10.439	3.3839	0.038445	1.4152
Eucgr.B02294.1	0.072675	-3.7824	0.04414	1.3552
Eucgr.J00859.1	0.06624	-3.9161	0.049816	1.3026

ANEXO 8

Anexo 8: Proteínas significativas pelo teste t (p -valor $< 0,05$) para o genótipo Tolerante de folha. ID = identificação dentro da base de dados do *Phytozome*, FC = Fold Change, razão entre as abundâncias das proteínas Controle e Estressado; $\log_2(FC)$ = fold change logarítimo; p .ajusted = valor de p ajustado; $-\log_{10}(p)$ = valor de p logaritmo de 10.

ID	FC	$\log_2(FC)$	p .ajusted	$-\log_{10}(p)$
Eucgr.K00213.1	5.1884	2.3753	9.89E-05	4.0046
Eucgr.G03205.1	5.3942	2.4314	0.00047796	3.3206
Eucgr.D01515.1	0.19121	-2.3868	0.00047796	3.3206
Eucgr.J00625.1	5.3597	2.4222	0.0016712	2.777
Eucgr.C01134.1	5.6694	2.5032	0.0021438	2.6688
Eucgr.H02279.1	5.9059	2.5622	0.0023251	2.6336
Eucgr.K00048.2	5.7824	2.5317	0.0023251	2.6336
Eucgr.E00406.1	5.7455	2.5224	0.0023251	2.6336
Eucgr.G03331.1	5.7372	2.5203	0.0023251	2.6336
Eucgr.A01397.1	5.618	2.4901	0.0023251	2.6336
Eucgr.J00820.1	5.5998	2.4854	0.0023251	2.6336
Eucgr.B01760.1	5.9653	2.5766	0.0025773	2.5888
Eucgr.L00742.1	6.036	2.5936	0.0028951	2.5383
Eucgr.K00410.1	5.8758	2.5548	0.0028951	2.5383
Eucgr.B03494.1	5.8916	2.5586	0.0033261	2.4781
Eucgr.C01179.1	0.16438	-2.6049	0.0036502	2.4377
Eucgr.I01132.1	5.8232	2.5418	0.0037735	2.4233
Eucgr.I02716.2	6.317	2.6592	0.0040393	2.3937
Eucgr.I00055.1	6.0645	2.6004	0.0040393	2.3937
Eucgr.J02888.1	5.6324	2.4937	0.0040393	2.3937
Eucgr.A00373.1	6.2601	2.6462	0.0051673	2.2867
Eucgr.L01334.1	0.15519	-2.6879	0.0053035	2.2754
Eucgr.H00134.1	6.2313	2.6395	0.0053035	2.2754
Eucgr.C03199.1	6.5443	2.7102	0.0055193	2.2581
Eucgr.H01158.1	6.1789	2.6274	0.0055193	2.2581
Eucgr.G03387.1	6.6607	2.7357	0.0061409	2.2118
Eucgr.H00072.3	6.6528	2.734	0.0065538	2.1835
Eucgr.K01105.1	6.7598	2.757	0.006562	2.183
Eucgr.I01557.1	5.8529	2.5491	0.0068011	2.1674
Eucgr.A00406.1	6.9033	2.7873	0.0071636	2.1449
Eucgr.K02110.1	0.1686	-2.5683	0.0071636	2.1449
Eucgr.F03036.1	6.9793	2.8031	0.0072177	2.1416
Eucgr.H04339.1	6.7942	2.7643	0.0072177	2.1416
Eucgr.H02737.2	6.2977	2.6548	0.0072177	2.1416
Eucgr.F02830.1	5.9039	2.5617	0.0072688	2.1385
Eucgr.A02519.1	7.0316	2.8139	0.0072933	2.1371
Eucgr.I00053.1	6.6917	2.7424	0.0072933	2.1371
Eucgr.I00930.1	6.8278	2.7714	0.0084986	2.0707

Eucgr.B02489.1	6.7385	2.7524	0.0084986	2.0707
Eucgr.G01975.1	7.3141	2.8707	0.0086791	2.0615
Eucgr.K03247.1	6.5396	2.7092	0.0086791	2.0615
Eucgr.F00368.1	6.3193	2.6598	0.0086791	2.0615
Eucgr.I00896.1	6.2799	2.6507	0.0086791	2.0615
Eucgr.B01499.1	7.3181	2.8715	0.0095175	2.0215
Eucgr.J02292.1	6.407	2.6796	0.0095175	2.0215
Eucgr.H01947.1	6.3141	2.6586	0.0095175	2.0215
Eucgr.F02133.1	6.5386	2.709	0.010744	1.9688
Eucgr.L02517.1	6.3506	2.6669	0.011332	1.9457
Eucgr.I02171.1	7.8255	2.9682	0.012027	1.9199
Eucgr.G01834.1	7.8481	2.9723	0.012694	1.8964
Eucgr.C02784.1	7.7922	2.962	0.012694	1.8964
Eucgr.L02920.1	7.8226	2.9677	0.012999	1.8861
Eucgr.A02448.1	7.2854	2.865	0.012999	1.8861
Eucgr.C00658.1	6.7038	2.745	0.013073	1.8836
Eucgr.G03412.1	7.4899	2.9049	0.014412	1.8413
Eucgr.A01711.1	6.5764	2.7173	0.014637	1.8345
Eucgr.K03563.1	8.4744	3.0831	0.016322	1.7872
Eucgr.H05076.1	7.8003	2.9635	0.018781	1.7263
Eucgr.G03132.1	0.11847	-3.0774	0.023667	1.6258
Eucgr.A01273.1	0.11935	-3.0667	0.025335	1.5963
Eucgr.J01541.1	9.5461	3.2549	0.026061	1.584
Eucgr.I01600.1	8.1253	3.0224	0.028415	1.5465
Eucgr.B03604.1	0.1271	-2.976	0.028415	1.5465
Eucgr.H00087.1	6.9599	2.7991	0.028415	1.5465
Eucgr.J00193.1	9.9692	3.3175	0.028904	1.539
Eucgr.K01045.1	7.8059	2.9646	0.030488	1.5159
Eucgr.D01887.1	0.11783	-3.0852	0.032897	1.4829
Eucgr.I01037.1	32.046	5.0021	0.034234	1.4655
Eucgr.I01807.1	9.3619	3.2268	0.0365	1.4377
Eucgr.K02642.1	11.008	3.4605	0.03744	1.4267
Eucgr.J01084.1	0.0325	-4.9434	0.038339	1.4164
Eucgr.E01218.2	11.256	3.4926	0.038985	1.4091
Eucgr.A00248.1	12.19	3.6076	0.046873	1.3291
Eucgr.F01067.3	48.051	5.5865	0.046926	1.3286

ANEXO 9

Anexo 9: Proteínas significativas pelo teste t (p -valor $< 0,05$) para a análise entre os genótipos para folha. ID = identificação dentro da base de dados do *Phytozome*, FC = Fold Change, razão entre as abundâncias das proteínas Tolerante e Suscetível; $\log_2(\text{FC})$ = fold change logarítimo; p .ajusted = valor de p ajustado; $-\log_{10}(p)$ = valor de p logarítimo de 10.

ID	FC	$\log_2(\text{FC})$	p .ajusted	$-\log_{10}(p)$
Eucgr.G02684.1	0.19319	-2.3719	4.89E-06	5.3103
Eucgr.D02537.1	0.19342	-2.3702	4.89E-06	5.3103
Eucgr.E00655.6	0.195	-2.3585	4.89E-06	5.3103
Eucgr.K00213.1	5.1266	2.358	4.89E-06	5.3103
Eucgr.H00245.1	0.18949	-2.3998	1.51E-05	4.8212
Eucgr.H03423.1	0.18865	-2.4062	1.82E-05	4.7398
Eucgr.J01084.1	5.2723	2.3984	1.82E-05	4.7398
Eucgr.L00891.1	0.18769	-2.4136	1.83E-05	4.7369
Eucgr.C00962.1	0.18783	-2.4125	1.83E-05	4.7369
Eucgr.D01515.1	5.2298	2.3868	1.83E-05	4.7369
Eucgr.A02641.1	0.19339	-2.3704	1.83E-05	4.7369
Eucgr.E00653.1	0.1861	-2.4258	2.96E-05	4.5287
Eucgr.J02731.1	0.18801	-2.4111	3.42E-05	4.4654
Eucgr.H02913.1	0.19022	-2.3942	4.13E-05	4.3837
Eucgr.G03205.1	5.487	2.456	9.62E-05	4.017
Eucgr.F03537.1	0.1883	-2.4089	9.62E-05	4.017
Eucgr.H04904.1	0.17965	-2.4767	0.00011154	3.9526
Eucgr.C02952.1	0.18142	-2.4626	0.00011599	3.9356
Eucgr.C01134.1	5.5071	2.4613	0.00011599	3.9356
Eucgr.D01310.1	0.18468	-2.4369	0.0001401	3.8536
Eucgr.K02521.1	0.17484	-2.5159	0.00015328	3.8145
Eucgr.J00820.1	5.8035	2.5369	0.0001623	3.7897
Eucgr.A01397.1	5.7832	2.5319	0.0001623	3.7897
Eucgr.G03331.1	5.8069	2.5378	0.00019918	3.7007
Eucgr.L02942.1	0.1726	-2.5345	0.00023347	3.6318
Eucgr.B01760.1	5.5694	2.4775	0.00026746	3.5727
Eucgr.F02574.1	0.16542	-2.5958	0.00029137	3.5356
Eucgr.L03160.1	0.17443	-2.5193	0.00029137	3.5356
Eucgr.B01163.1	0.16317	-2.6155	0.00031605	3.5002
Eucgr.F04458.3	0.16365	-2.6113	0.00031605	3.5002
Eucgr.C01179.1	5.877	2.5551	0.00031605	3.5002
Eucgr.D01338.1	0.17836	-2.4871	0.00031605	3.5002
Eucgr.I01132.1	6.1374	2.6176	0.00032217	3.4919
Eucgr.K03545.1	0.17253	-2.5351	0.00032217	3.4919
Eucgr.J02888.1	6.2113	2.6349	0.0003362	3.4734
Eucgr.B01475.1	0.17448	-2.5188	0.00033861	3.4703
Eucgr.A02971.1	0.15969	-2.6467	0.00034585	3.4611
Eucgr.H01287.1	0.16262	-2.6204	0.00034585	3.4611

Eucgr.L03611.1	0.16366	-2.6112	0.00034585	3.4611
Eucgr.A00020.1	0.16232	-2.6231	0.00035181	3.4537
Eucgr.I00055.1	6.1547	2.6217	0.00036384	3.4391
Eucgr.H04482.1	0.16109	-2.6341	0.0003988	3.3992
Eucgr.J03079.1	0.17004	-2.556	0.00041029	3.3869
Eucgr.F01221.5	0.16118	-2.6333	0.00041129	3.3858
Eucgr.F03416.2	0.15657	-2.6751	0.00044549	3.3512
Eucgr.A00373.1	6.2202	2.637	0.00044549	3.3512
Eucgr.F01878.1	0.16788	-2.5745	0.00044549	3.3512
Eucgr.I01557.1	5.8988	2.5604	0.00044549	3.3512
Eucgr.G02443.2	0.15835	-2.6588	0.00051997	3.284
Eucgr.G02521.1	0.15852	-2.6573	0.00053703	3.27
Eucgr.C03199.1	6.0529	2.5976	0.0006024	3.2201
Eucgr.K02110.1	5.9312	2.5683	0.00081137	3.0908
Eucgr.G01099.1	0.15765	-2.6652	0.00081303	3.0899
Eucgr.K01105.1	6.0635	2.6002	0.00082779	3.0821
Eucgr.B01108.2	0.1518	-2.7197	0.00083889	3.0763
Eucgr.A00010.3	0.16302	-2.6169	0.00083889	3.0763
Eucgr.F00368.1	7.0558	2.8188	0.0009563	3.0194
Eucgr.I00896.1	7.0832	2.8244	0.00095667	3.0192
Eucgr.E00291.1	0.15651	-2.6756	0.0009643	3.0158
Eucgr.A00406.1	6.0415	2.5949	0.0009643	3.0158
Eucgr.J02292.1	7.2122	2.8504	0.0010075	2.9967
Eucgr.H01947.1	7.1906	2.8461	0.0010075	2.9967
Eucgr.C02177.1	0.14177	-2.8184	0.0010075	2.9967
Eucgr.H02093.1	0.14919	-2.7447	0.0010075	2.9967
Eucgr.F03036.1	6.0473	2.5963	0.0010075	2.9967
Eucgr.C03791.2	0.13924	-2.8443	0.0010119	2.9949
Eucgr.A02519.1	6.0877	2.6059	0.0010275	2.9882
Eucgr.B02376.1	0.1355	-2.8837	0.0011565	2.9368
Eucgr.B01108.1	0.16122	-2.6329	0.0012591	2.9
Eucgr.I02515.1	0.13317	-2.9087	0.0015093	2.8212
Eucgr.H00243.1	0.13969	-2.8397	0.0015093	2.8212
Eucgr.J01861.1	0.14326	-2.8033	0.0015093	2.8212
Eucgr.F02423.1	0.1295	-2.949	0.0015136	2.82
Eucgr.C03178.1	0.14625	-2.7735	0.0015615	2.8065
Eucgr.E03674.1	0.13433	-2.8961	0.0015976	2.7965
Eucgr.F02985.1	0.133	-2.9105	0.0016552	2.7812
Eucgr.F02656.1	0.1293	-2.9513	0.001772	2.7515
Eucgr.G03075.1	0.1435	-2.8009	0.001782	2.7491
Eucgr.I01495.1	0.12796	-2.9662	0.0018298	2.7376
Eucgr.H01176.5	0.12332	-3.0195	0.0018348	2.7364
Eucgr.L00011.1	0.13772	-2.8602	0.0018593	2.7307
Eucgr.C02784.1	7.0548	2.8186	0.0018593	2.7307
Eucgr.C00416.1	0.12278	-3.0259	0.0018762	2.7267

Eucgr.L02920.1	7.1817	2.8443	0.0018762	2.7267
Eucgr.G01834.1	6.8735	2.781	0.0018841	2.7249
Eucgr.G02317.1	0.12096	-3.0474	0.0019052	2.7201
Eucgr.K00588.2	0.12622	-2.986	0.0022482	2.6482
Eucgr.H01473.1	0.13144	-2.9275	0.0022896	2.6402
Eucgr.C02653.1	0.15062	-2.731	0.0023518	2.6286
Eucgr.A00159.1	0.11774	-3.0863	0.0025944	2.586
Eucgr.G03132.1	8.441	3.0774	0.0029485	2.5304
Eucgr.I01600.1	9.0314	3.1749	0.0030351	2.5178
Eucgr.K03563.1	6.7886	2.7631	0.0030351	2.5178
Eucgr.C01174.1	0.12261	-3.0279	0.0032071	2.4939
Eucgr.I01649.1	0.11405	-3.1323	0.0032162	2.4927
Eucgr.L02535.1	0.10557	-3.2437	0.003267	2.4859
Eucgr.B03239.1	0.10539	-3.2462	0.0035479	2.45
Eucgr.B03604.1	7.8678	2.976	0.0035657	2.4479
Eucgr.G03107.1	0.13954	-2.8413	0.0039495	2.4035
Eucgr.I01807.1	9.7302	3.2825	0.0044959	2.3472
Eucgr.J01541.1	7.3473	2.8772	0.0050296	2.2985
Eucgr.J00859.1	0.12955	-2.9484	0.0057233	2.2424
Eucgr.G01088.2	0.12033	-3.0549	0.0059045	2.2288
Eucgr.F02310.1	0.11206	-3.1577	0.0061064	2.2142
Eucgr.H02295.2	0.088568	-3.4971	0.006422	2.1923
Eucgr.B02496.1	0.12882	-2.9566	0.0064375	2.1913
Eucgr.B02294.1	0.1099	-3.1857	0.0070966	2.149
Eucgr.K02642.1	13.599	3.7654	0.0079012	2.1023
Eucgr.E01218.2	8.6778	3.1173	0.008035	2.095
Eucgr.F03856.1	0.063521	-3.9766	0.010301	1.9871
Eucgr.A00248.1	8.6641	3.1151	0.011054	1.9565
Eucgr.H05122.1	0.050505	-4.3074	0.014253	1.8461
Eucgr.G01561.1	0.051679	-4.2743	0.014253	1.8461
Eucgr.G01975.1	21.342	4.4156	0.015232	1.8172
Eucgr.L01249.1	0.052619	-4.2483	0.015232	1.8172
Eucgr.I01037.1	9.9869	3.32	0.015232	1.8172
Eucgr.K01249.1	0.04436	-4.4946	0.015764	1.8023
Eucgr.G03412.1	21.584	4.4319	0.015764	1.8023
Eucgr.E02909.1	0.070944	-3.8172	0.015764	1.8023
Eucgr.F03796.1	0.043242	-4.5314	0.016052	1.7945
Eucgr.A02448.1	22.289	4.4783	0.016052	1.7945
Eucgr.A01929.1	0.046666	-4.4215	0.016052	1.7945
Eucgr.A01425.1	0.050467	-4.3085	0.01622	1.7899
Eucgr.I00930.1	23.658	4.5643	0.01626	1.7889
Eucgr.B03930.2	0.041599	-4.5873	0.016487	1.7829
Eucgr.C01646.2	0.0405	-4.6259	0.016517	1.7821
Eucgr.L01103.1	0.038307	-4.7063	0.017057	1.7681
Eucgr.L02232.2	0.088664	-3.4955	0.017057	1.7681
Eucgr.K02414.1	0.037901	-4.7216	0.017086	1.7674

Eucgr.C00658.1	25.297	4.6609	0.017086	1.7674
Eucgr.C00706.1	0.085811	-3.5427	0.017086	1.7674
Eucgr.A01711.1	26.253	4.7144	0.017399	1.7595
Eucgr.C02177.2	0.038512	-4.6985	0.017399	1.7595
Eucgr.K01017.1	0.038587	-4.6957	0.017399	1.7595
Eucgr.A01273.1	11.06	3.4673	0.017399	1.7595
Eucgr.K00048.2	28.691	4.8425	0.017544	1.7559
Eucgr.B03803.1	0.034597	-4.8532	0.017596	1.7546
Eucgr.I00323.1	0.033869	-4.8839	0.017866	1.748
Eucgr.H00087.1	26.458	4.7256	0.017939	1.7462
Eucgr.F01462.1	0.03086	-5.0181	0.018956	1.7223
Eucgr.J00625.1	33.09	5.0483	0.019239	1.7158
Eucgr.B03494.1	34.51	5.109	0.019846	1.7023
Eucgr.H01158.1	33.771	5.0777	0.019846	1.7023
Eucgr.F02905.1	0.028209	-5.1477	0.020229	1.694
Eucgr.B02489.1	35.053	5.1315	0.020445	1.6894
Eucgr.L00742.1	38.693	5.274	0.020822	1.6815
Eucgr.B01189.1	0.026435	-5.2414	0.020822	1.6815
Eucgr.C03305.1	0.07667	-3.7052	0.020822	1.6815
Eucgr.I01133.1	0.024747	-5.3366	0.020901	1.6798
Eucgr.H02279.1	40.245	5.3307	0.020901	1.6798
Eucgr.H00072.3	39.22	5.2935	0.020901	1.6798
Eucgr.H04339.1	38.443	5.2646	0.020901	1.6798
Eucgr.G03374.1	0.083678	-3.579	0.020901	1.6798
Eucgr.K01500.1	0.024866	-5.3297	0.021153	1.6746
Eucgr.L01102.1	0.023851	-5.3898	0.021983	1.6579
Eucgr.E00656.1	0.023599	-5.4051	0.022326	1.6512
Eucgr.H00134.1	47.96	5.5837	0.022496	1.6479
Eucgr.L02517.1	13.395	3.7436	0.023356	1.6316
Eucgr.H03316.1	0.017922	-5.8021	0.023907	1.6215
Eucgr.B01499.1	53.166	5.7324	0.023907	1.6215
Eucgr.I02171.1	21.693	4.4392	0.023907	1.6215
Eucgr.G02720.1	0.018184	-5.7812	0.02397	1.6203
Eucgr.J02055.1	0.017652	-5.8241	0.024282	1.6147
Eucgr.K02489.1	0.056212	-4.153	0.024537	1.6102
Eucgr.F03085.1	0.015696	-5.9935	0.025223	1.5982
Eucgr.G03178.1	0.057615	-4.1174	0.025684	1.5903
Eucgr.F01067.3	70.916	6.148	0.026245	1.581
Eucgr.D01887.1	69.866	6.1265	0.026626	1.5747
Eucgr.K01045.1	77.095	6.2686	0.026853	1.571
Eucgr.I02716.2	21.548	4.4295	0.02953	1.5297
Eucgr.E00406.1	18.028	4.1722	0.030572	1.5147
Eucgr.F01770.1	0.030679	-5.0266	0.031317	1.5042
Eucgr.C00350.1	0.010355	-6.5936	0.033593	1.4738
Eucgr.I01461.1	0.006455	-7.2755	0.033984	1.4687

Eucgr.H02737.2	28.099	4.8125	0.033984	1.4687
Eucgr.H05076.1	193.25	7.5943	0.036068	1.4429
Eucgr.H00260.1	0.00551	-7.5037	0.036473	1.438
Eucgr.D02251.1	0.004105	-7.9285	0.037717	1.4235
Eucgr.F02830.1	126.55	6.9835	0.037717	1.4235
Eucgr.G03333.2	0.006202	-7.333	0.039177	1.407
Eucgr.K03247.1	33.332	5.0588	0.041358	1.3834
Eucgr.F04344.2	0.002482	-8.6543	0.041465	1.3823
Eucgr.J02478.1	0.002398	-8.7041	0.041485	1.3821
Eucgr.I01027.1	0.001365	-9.5174	0.046127	1.336

ANEXO 10

Anexo 10: Proteínas significativas pelo teste t (p-valor < 0,05) para o genótipo Suscetível de caule. ID = identificação dentro da base de dados do *Phytozome*, FC = Fold Change, razão entre as abundâncias das proteínas Controle e Estressado; log₂(FC) = fold change logarítimo; p.adjusted = valor de p ajustado; -log₁₀(p) = valor de p logarítimo de 10.

ID	FC	log ₂ (FC)	p.adjusted	-log ₁₀ (p)
Eucgr.E01107.1	0.18955	-2.3993	0.00015438	3.8114
Eucgr.A00549.1	0.18991	-2.3966	0.00015438	3.8114
Eucgr.D01945.1	5.1903	2.3758	0.00015438	3.8114
Eucgr.A02874.1	0.19286	-2.3744	0.00015438	3.8114
Eucgr.D00261.1	0.19468	-2.3608	0.00015438	3.8114
Eucgr.A02793.1	0.19235	-2.3782	0.0001812	3.7418
Eucgr.J00743.1	5.2413	2.3899	0.00020711	3.6838
Eucgr.L01334.1	0.18492	-2.4351	0.00026564	3.5757
Eucgr.D02179.1	5.3961	2.4319	0.00026564	3.5757
Eucgr.F02744.2	5.378	2.4271	0.00026564	3.5757
Eucgr.B02118.1	0.18619	-2.4251	0.00026564	3.5757
Eucgr.E00653.1	0.18422	-2.4405	0.0002713	3.5665
Eucgr.K01363.1	0.18492	-2.435	0.00034471	3.4625
Eucgr.G02812.1	5.3962	2.432	0.00034471	3.4625
Eucgr.B02532.1	0.19064	-2.3911	0.00034471	3.4625
Eucgr.H04903.1	0.1806	-2.4691	0.00045388	3.3431
Eucgr.H04427.1	5.4997	2.4594	0.00045388	3.3431
Eucgr.D02461.1	0.1795	-2.478	0.00052634	3.2787
Eucgr.J00164.1	0.17996	-2.4743	0.00063758	3.1955
Eucgr.F00650.1	5.6948	2.5097	0.00096494	3.0155
Eucgr.B00177.1	5.4093	2.4354	0.00096494	3.0155
Eucgr.G02332.1	0.17601	-2.5063	0.0012708	2.8959
Eucgr.G03138.3	5.8325	2.5441	0.0013033	2.885
Eucgr.I00580.1	0.17191	-2.5403	0.0013033	2.885
Eucgr.D02202.1	5.8153	2.5399	0.0013033	2.885
Eucgr.D02072.1	0.17689	-2.4991	0.0013033	2.885
Eucgr.D02073.1	0.18026	-2.4718	0.0013033	2.885
Eucgr.L03031.1	5.5418	2.4704	0.0013033	2.885
Eucgr.J01387.1	5.5932	2.4837	0.0013232	2.8784
Eucgr.C00150.1	0.17566	-2.5092	0.0013672	2.8642
Eucgr.B03593.1	0.18354	-2.4458	0.0013672	2.8642
Eucgr.E03986.2	0.17545	-2.5109	0.0015267	2.8163
Eucgr.K02074.1	0.16669	-2.5848	0.0018126	2.7417
Eucgr.A01180.1	0.17179	-2.5413	0.0018961	2.7221
Eucgr.E00872.1	0.16442	-2.6046	0.002037	2.691
Eucgr.E00375.1	0.16592	-2.5914	0.002037	2.691
Eucgr.H04121.1	5.5434	2.4708	0.0023315	2.6324

Eucgr.C01068.1	5.8788	2.5555	0.0023643	2.6263
Eucgr.C03691.1	0.16177	-2.628	0.0024887	2.604
Eucgr.C02177.2	0.16284	-2.6185	0.0024887	2.604
Eucgr.A01161.1	0.16131	-2.6321	0.002611	2.5832
Eucgr.I01557.1	0.17613	-2.5053	0.002611	2.5832
Eucgr.L00349.1	6.2687	2.6482	0.0027693	2.5576
Eucgr.G00652.1	6.3159	2.659	0.0028529	2.5447
Eucgr.F04026.1	6.0684	2.6013	0.0028529	2.5447
Eucgr.H00474.1	0.16516	-2.5981	0.0028529	2.5447
Eucgr.I01148.1	0.16809	-2.5727	0.0028529	2.5447
Eucgr.D02118.3	0.15774	-2.6644	0.0029827	2.5254
Eucgr.J01789.1	6.098	2.6083	0.0029827	2.5254
Eucgr.K02074.2	5.9132	2.5639	0.0031577	2.5006
Eucgr.J02293.1	0.15689	-2.6722	0.0032012	2.4947
Eucgr.J00048.1	6.0304	2.5923	0.0032012	2.4947
Eucgr.E04235.1	6.452	2.6898	0.0033785	2.4713
Eucgr.D01934.2	6.4623	2.6921	0.0034755	2.459
Eucgr.B03587.1	6.2236	2.6377	0.0034755	2.459
Eucgr.I01994.1	6.199	2.632	0.0035566	2.449
Eucgr.D00497.1	5.7606	2.5262	0.0035566	2.449
Eucgr.G03023.1	6.3852	2.6747	0.0035616	2.4484
Eucgr.J01625.1	0.15662	-2.6747	0.0035987	2.4439
Eucgr.B02433.1	6.4554	2.6905	0.0036082	2.4427
Eucgr.E02361.2	6.2111	2.6348	0.0037181	2.4297
Eucgr.A00882.1	6.6387	2.7309	0.0038744	2.4118
Eucgr.A00052.1	6.0765	2.6032	0.0038744	2.4118
Eucgr.E02007.1	6.1666	2.6245	0.0039111	2.4077
Eucgr.C01741.1	6.6745	2.7387	0.0040389	2.3937
Eucgr.K02740.1	6.1417	2.6186	0.0041341	2.3836
Eucgr.H00539.1	5.8078	2.538	0.0041341	2.3836
Eucgr.E01009.1	6.7207	2.7486	0.0041801	2.3788
Eucgr.I00545.1	6.3529	2.6674	0.0043335	2.3632
Eucgr.A02793.4	6.6809	2.74	0.004336	2.3629
Eucgr.G02988.1	6.7602	2.7571	0.004599	2.3373
Eucgr.H01216.1	6.5822	2.7186	0.0048035	2.3184
Eucgr.D02179.2	0.14718	-2.7644	0.0051576	2.2876
Eucgr.G01350.2	6.76	2.757	0.0051973	2.2842
Eucgr.J00434.1	6.9578	2.7986	0.0053406	2.2724
Eucgr.B03732.1	6.7069	2.7457	0.0053406	2.2724
Eucgr.C00837.1	6.6381	2.7308	0.0053406	2.2724
Eucgr.B00384.1	6.6771	2.7392	0.005558	2.2551
Eucgr.K01803.1	6.6864	2.7412	0.0059608	2.2247
Eucgr.D02497.1	0.14101	-2.8261	0.0063466	2.1975
Eucgr.F00109.1	7.0091	2.8092	0.0063466	2.1975
Eucgr.K01422.1	0.14645	-2.7715	0.0063466	2.1975
Eucgr.C03891.1	6.6426	2.7318	0.0063662	2.1961

Eucgr.H02960.3	7.0349	2.8145	0.006512	2.1863
Eucgr.G02545.1	0.14431	-2.7927	0.0067629	2.1699
Eucgr.G03128.1	7.1153	2.8309	0.0072429	2.1401
Eucgr.G00116.1	7.322	2.8722	0.0074415	2.1283
Eucgr.F00108.3	6.13	2.6159	0.0074415	2.1283
Eucgr.E01218.2	7.138	2.8355	0.0076293	2.1175
Eucgr.F01627.1	0.16248	-2.6217	0.0076293	2.1175
Eucgr.F02773.1	7.4768	2.9024	0.0077707	2.1095
Eucgr.A00982.1	6.762	2.7575	0.0077707	2.1095
Eucgr.G02443.1	0.15795	-2.6625	0.0077707	2.1095
Eucgr.K01401.1	0.14097	-2.8266	0.0080679	2.0932
Eucgr.L00543.1	0.14191	-2.8169	0.0084213	2.0746
Eucgr.K02283.3	6.45	2.6893	0.0084213	2.0746
Eucgr.B00637.1	6.1838	2.6285	0.0084629	2.0725
Eucgr.F00647.1	7.77	2.9579	0.0092839	2.0323
Eucgr.H00803.1	7.5415	2.9149	0.0092839	2.0323
Eucgr.G01124.1	0.15287	-2.7096	0.0092839	2.0323
Eucgr.J01051.1	7.6896	2.9429	0.009701	2.0132
Eucgr.K01223.1	7.5668	2.9197	0.010567	1.9761
Eucgr.I01408.1	7.7014	2.9451	0.010576	1.9757
Eucgr.A02672.1	7.2661	2.8612	0.01061	1.9743
Eucgr.G00082.1	8.0905	3.0162	0.011057	1.9564
Eucgr.B03243.1	0.13889	-2.848	0.011057	1.9564
Eucgr.A01969.1	8.1396	3.025	0.011799	1.9281
Eucgr.L03200.2	7.6393	2.9334	0.011799	1.9281
Eucgr.I02400.2	8.1942	3.0346	0.011936	1.9232
Eucgr.B00224.1	7.5374	2.9141	0.012269	1.9112
Eucgr.E03986.1	8.1629	3.0291	0.012474	1.904
Eucgr.A00055.1	0.12302	-3.0231	0.0133	1.8761
Eucgr.I01911.1	0.11734	-3.0913	0.013645	1.865
Eucgr.J01950.3	0.1361	-2.8772	0.013778	1.8608
Eucgr.H01112.1	8.3423	3.0604	0.013831	1.8591
Eucgr.G01640.1	0.14264	-2.8095	0.013839	1.8589
Eucgr.F00108.1	0.11996	-3.0594	0.014063	1.8519
Eucgr.D00502.1	0.11743	-3.0901	0.014329	1.8438
Eucgr.H00009.1	8.2665	3.0473	0.01443	1.8407
Eucgr.A02174.1	7.3917	2.8859	0.015397	1.8126
Eucgr.K01196.1	8.2314	3.0411	0.015728	1.8033
Eucgr.G00651.1	8.8527	3.1461	0.015955	1.7971
Eucgr.H03025.1	8.89	3.1522	0.016595	1.78
Eucgr.D00506.1	0.11759	-3.0881	0.016595	1.78
Eucgr.F04002.1	9.0357	3.1756	0.018952	1.7223
Eucgr.F01560.1	7.1086	2.8296	0.018952	1.7223
Eucgr.I01173.1	9.2746	3.2133	0.019035	1.7205
Eucgr.J00458.1	7.2016	2.8483	0.01905	1.7201

Eucgr.B00320.1	8.6973	3.1206	0.021214	1.6734
Eucgr.H00952.2	9.9502	3.3147	0.022708	1.6438
Eucgr.E00620.1	0.1021	-3.292	0.022708	1.6438
Eucgr.C03703.1	9.3422	3.2238	0.022724	1.6435
Eucgr.J01957.1	0.089142	-3.4878	0.022979	1.6387
Eucgr.H04339.1	9.6474	3.2701	0.022979	1.6387
Eucgr.F03313.1	9.7381	3.2836	0.023375	1.6312
Eucgr.I02797.3	8.7216	3.1246	0.023375	1.6312
Eucgr.E00184.1	10.324	3.3679	0.024509	1.6107
Eucgr.H03284.1	7.2543	2.8588	0.025286	1.5971
Eucgr.C02666.1	0.10307	-3.2783	0.026047	1.5842
Eucgr.H04034.1	10.349	3.3714	0.027277	1.5642
Eucgr.F03755.1	7.7796	2.9597	0.027277	1.5642
Eucgr.F02993.1	11.078	3.4696	0.031071	1.5076
Eucgr.I02753.1	11.433	3.5151	0.031851	1.4969
Eucgr.D00474.1	9.4255	3.2366	0.031851	1.4969
Eucgr.B02673.1	7.9467	2.9903	0.032056	1.4941
Eucgr.F01813.1	0.085499	-3.5479	0.033743	1.4718
Eucgr.J00367.1	11.504	3.5241	0.033743	1.4718
Eucgr.E01103.1	10.004	3.3225	0.035182	1.4537
Eucgr.B02473.1	11.426	3.5142	0.035965	1.4441
Eucgr.K02769.1	12.316	3.6224	0.035977	1.444
Eucgr.K02993.1	11.195	3.4848	0.035977	1.444
Eucgr.F01883.2	11.784	3.5587	0.036872	1.4333
Eucgr.G02039.1	12.73	3.6701	0.037671	1.424
Eucgr.F02475.1	8.2274	3.0404	0.037718	1.4234
Eucgr.A01535.2	11.594	3.5353	0.038235	1.4175
Eucgr.J01976.1	0.079009	-3.6618	0.040815	1.3892
Eucgr.G02071.1	12.907	3.6901	0.042082	1.3759
Eucgr.K00225.1	8.6961	3.1204	0.042764	1.3689
Eucgr.A01018.2	12.563	3.6511	0.04356	1.3609
Eucgr.K01953.1	0.072722	-3.7815	0.047181	1.3262
Eucgr.J02583.1	14.728	3.8805	0.047361	1.3246

ANEXO 11

Anexo 11: Proteínas significativas pelo teste t (p -valor $< 0,05$) para o genótipo Tolerante de caule. ID = identificação dentro da base de dados do *Phytozome*, FC = Fold Change, razão entre as abundâncias das proteínas Controle e Estressado; $\log_2(FC)$ = fold change logaritmo; p .ajusted = valor de p ajustado; $-\log_{10}(p)$ = valor de p logaritmo de 10.

ID	FC	$\log_2(FC)$	p .ajusted	$-\log_{10}(p)$
Eucgr.K00785.1	5.0329	2.3314	9.42E-07	6.0258
Eucgr.E03921.1	0.19672	-2.3458	2.63E-05	4.58
Eucgr.G03150.1	5.1625	2.3681	9.04E-05	4.0436
Eucgr.F01561.1	5.1263	2.3579	9.04E-05	4.0436
Eucgr.I02611.1	5.2097	2.3812	0.00010982	3.9593
Eucgr.D02015.1	0.19342	-2.3702	0.00017666	3.7529
Eucgr.F01094.1	5.3219	2.4119	0.00019655	3.7065
Eucgr.A01109.1	0.18848	-2.4075	0.00019655	3.7065
Eucgr.K02164.1	5.2637	2.3961	0.0003167	3.4994
Eucgr.I01994.1	5.4323	2.4416	0.00036866	3.4334
Eucgr.F02656.1	5.4202	2.4384	0.00036901	3.433
Eucgr.G02837.2	0.1829	-2.4509	0.00040597	3.3915
Eucgr.D01169.1	5.2886	2.4029	0.00048702	3.3124
Eucgr.B03143.1	5.5284	2.4669	0.00052841	3.277
Eucgr.F01219.1	0.18643	-2.4233	0.0006887	3.162
Eucgr.F03313.1	5.3213	2.4118	0.00094942	3.0225
Eucgr.H02772.1	0.17737	-2.4951	0.0010291	2.9875
Eucgr.E03920.1	0.18235	-2.4552	0.0010291	2.9875
Eucgr.B00436.2	5.3643	2.4234	0.0010291	2.9875
Eucgr.H04490.1	5.7184	2.5156	0.0010366	2.9844
Eucgr.K02726.1	5.6238	2.4915	0.0010561	2.9763
Eucgr.J00326.1	5.6953	2.5098	0.0011302	2.9469
Eucgr.C03891.1	5.5086	2.4617	0.0011302	2.9469
Eucgr.B01427.1	0.18139	-2.4628	0.0011701	2.9318
Eucgr.A00882.1	5.7974	2.5354	0.001182	2.9274
Eucgr.E02712.1	0.17515	-2.5133	0.001182	2.9274
Eucgr.J02293.1	0.1761	-2.5055	0.001182	2.9274
Eucgr.F00330.2	5.5402	2.4699	0.001182	2.9274
Eucgr.B00132.2	5.5053	2.4608	0.001182	2.9274
Eucgr.A00382.1	0.18265	-2.4529	0.001182	2.9274
Eucgr.F02018.1	5.4484	2.4458	0.001182	2.9274
Eucgr.E02404.1	5.8404	2.5461	0.0012672	2.8971
Eucgr.C00150.1	0.16991	-2.5572	0.001293	2.8884
Eucgr.F01883.1	0.17398	-2.523	0.001319	2.8798
Eucgr.I02784.1	5.9675	2.5771	0.0015536	2.8087
Eucgr.I01206.1	5.9118	2.5636	0.0016653	2.7785
Eucgr.J01600.1	0.1733	-2.5287	0.0016653	2.7785

Eucgr.D00001.1	5.9176	2.565	0.0016803	2.7746
Eucgr.A01180.1	0.17083	-2.5494	0.0017498	2.757
Eucgr.D00177.1	0.1644	-2.6047	0.0018835	2.725
Eucgr.F03724.1	0.1694	-2.5615	0.0018835	2.725
Eucgr.B01931.1	5.9731	2.5785	0.0019128	2.7183
Eucgr.B01011.2	0.16354	-2.6123	0.0019436	2.7114
Eucgr.I01037.1	6.0595	2.5992	0.0019436	2.7114
Eucgr.J02583.1	5.9664	2.5769	0.0019436	2.7114
Eucgr.A02465.1	5.6137	2.489	0.0019436	2.7114
Eucgr.A00982.1	5.6118	2.4885	0.0019436	2.7114
Eucgr.G01919.1	5.5708	2.4779	0.0019436	2.7114
Eucgr.C00846.1	6.2124	2.6352	0.0022891	2.6403
Eucgr.G01646.2	0.17637	-2.5033	0.0023576	2.6275
Eucgr.D00474.1	5.7032	2.5118	0.0024617	2.6088
Eucgr.K02534.1	6.2491	2.6436	0.0026679	2.5738
Eucgr.C03207.1	6.2484	2.6435	0.0027091	2.5672
Eucgr.E03294.1	5.9899	2.5825	0.0027091	2.5672
Eucgr.D01184.1	0.17134	-2.5451	0.0027091	2.5672
Eucgr.J01983.1	0.1571	-2.6702	0.0027271	2.5643
Eucgr.A02651.1	6.1433	2.619	0.0027271	2.5643
Eucgr.H01083.1	6.3332	2.6629	0.002774	2.5569
Eucgr.C00797.1	6.2046	2.6333	0.0029081	2.5364
Eucgr.H04034.1	6.4575	2.691	0.0031277	2.5048
Eucgr.D02512.1	0.15796	-2.6624	0.0032124	2.4932
Eucgr.G02327.1	6.4046	2.6791	0.0032701	2.4854
Eucgr.I01712.1	6.5221	2.7053	0.0034792	2.4585
Eucgr.G02071.1	6.2069	2.6339	0.0034792	2.4585
Eucgr.E00873.1	5.7163	2.5151	0.0034792	2.4585
Eucgr.H04666.1	6.5775	2.7175	0.0036866	2.4334
Eucgr.D02237.1	5.9414	2.5708	0.0036866	2.4334
Eucgr.E02953.1	0.16732	-2.5793	0.0037141	2.4301
Eucgr.A01783.1	6.6476	2.7328	0.0038597	2.4134
Eucgr.B01308.3	6.6472	2.7327	0.0038597	2.4134
Eucgr.H00498.1	6.2457	2.6429	0.0038597	2.4134
Eucgr.A00780.1	6.2332	2.64	0.0038597	2.4134
Eucgr.C00185.1	6.3986	2.6778	0.0040591	2.3916
Eucgr.C02177.2	6.3872	2.6752	0.0040591	2.3916
Eucgr.F01173.1	0.1482	-2.7544	0.004108	2.3864
Eucgr.C01514.1	5.7948	2.5348	0.004108	2.3864
Eucgr.G02102.1	6.3866	2.6751	0.0041614	2.3808
Eucgr.J01051.1	6.7762	2.7605	0.0041926	2.3775
Eucgr.B03507.2	0.14579	-2.7781	0.0044484	2.3518
Eucgr.F02718.1	0.14767	-2.7596	0.0044484	2.3518
Eucgr.B02881.1	6.5658	2.715	0.0044484	2.3518
Eucgr.H00539.1	6.5159	2.704	0.0044484	2.3518
Eucgr.E00569.1	6.1878	2.6294	0.0044484	2.3518

Eucgr.F03253.1	0.15575	-2.6827	0.0045186	2.345
Eucgr.F00650.1	6.4529	2.6899	0.0046237	2.335
Eucgr.K01428.1	6.1213	2.6138	0.0048436	2.3148
Eucgr.C01068.1	6.9256	2.7919	0.0051901	2.2848
Eucgr.J01950.1	0.14543	-2.7816	0.0052276	2.2817
Eucgr.E00488.1	7.042	2.816	0.0053754	2.2696
Eucgr.I00545.1	7.0681	2.8213	0.0055121	2.2587
Eucgr.B03902.1	6.0554	2.5982	0.0055724	2.254
Eucgr.G00061.1	0.14039	-2.8325	0.0056238	2.25
Eucgr.F03636.1	7.1375	2.8354	0.0057254	2.2422
Eucgr.A02473.1	6.5864	2.7195	0.0058439	2.2333
Eucgr.J02848.1	7.0861	2.825	0.0060059	2.2214
Eucgr.F02243.1	6.3671	2.6706	0.006049	2.2183
Eucgr.J01978.1	0.13761	-2.8613	0.0061911	2.2082
Eucgr.J02605.2	6.5559	2.7128	0.0061911	2.2082
Eucgr.F03171.1	0.16349	-2.6127	0.0061911	2.2082
Eucgr.C03691.1	7.1227	2.8324	0.0062827	2.2019
Eucgr.H01169.1	0.14318	-2.8041	0.0064309	2.1917
Eucgr.D00194.1	7.3877	2.8851	0.0067453	2.171
Eucgr.E03957.1	0.1427	-2.809	0.0067453	2.171
Eucgr.F00108.1	0.13542	-2.8845	0.0067479	2.1708
Eucgr.G02177.1	7.262	2.8604	0.0067542	2.1704
Eucgr.J00743.1	7.4647	2.9001	0.0069546	2.1577
Eucgr.H03918.1	7.3812	2.8839	0.0069546	2.1577
Eucgr.K02668.1	6.7551	2.756	0.0069546	2.1577
Eucgr.I02024.1	0.15933	-2.6499	0.0072206	2.1414
Eucgr.E01268.1	7.0257	2.8126	0.0076597	2.1158
Eucgr.C03004.1	7.4851	2.904	0.0077146	2.1127
Eucgr.L01682.1	7.4386	2.895	0.007756	2.1104
Eucgr.D00551.1	0.15835	-2.6588	0.0087013	2.0604
Eucgr.K00225.1	6.2657	2.6475	0.0087013	2.0604
Eucgr.J02393.1	7.7449	2.9532	0.008888	2.0512
Eucgr.F02610.1	0.13462	-2.893	0.0089446	2.0484
Eucgr.D00497.1	7.5042	2.9077	0.0092592	2.0334
Eucgr.H03460.1	7.0441	2.8164	0.0093829	2.0277
Eucgr.J01052.1	7.7822	2.9602	0.0098987	2.0044
Eucgr.K01055.1	0.12999	-2.9436	0.010384	1.9836
Eucgr.G02178.1	7.9982	2.9997	0.010588	1.9752
Eucgr.F01560.1	8.1604	3.0286	0.010854	1.9644
Eucgr.A02306.1	8.0527	3.0095	0.010854	1.9644
Eucgr.C00165.2	0.13327	-2.9076	0.010854	1.9644
Eucgr.B00995.2	0.14744	-2.7618	0.010854	1.9644
Eucgr.K01223.1	8.0761	3.0137	0.011092	1.955
Eucgr.J00524.1	7.5645	2.9192	0.011241	1.9492
Eucgr.J03127.1	0.13068	-2.9358	0.012021	1.9201

Eucgr.B02135.1	8.4345	3.0763	0.012248	1.9119
Eucgr.G02430.1	7.504	2.9077	0.012254	1.9117
Eucgr.H05116.1	6.8673	2.7797	0.013296	1.8763
Eucgr.I01709.1	8.5599	3.0976	0.013532	1.8686
Eucgr.G03085.1	8.3903	3.0687	0.013532	1.8686
Eucgr.K03426.1	7.4932	2.9056	0.013532	1.8686
Eucgr.L01763.1	0.12209	-3.034	0.013931	1.856
Eucgr.D02015.3	8.86	3.1473	0.014312	1.8443
Eucgr.A02190.1	8.232	3.0413	0.014312	1.8443
Eucgr.H02358.5	8.6248	3.1085	0.01556	1.808
Eucgr.A01453.1	8.1272	3.0228	0.015865	1.7995
Eucgr.L02980.1	0.11794	-3.0838	0.015894	1.7988
Eucgr.I02395.1	0.1282	-2.9635	0.015894	1.7988
Eucgr.G03098.1	7.084	2.8246	0.015894	1.7988
Eucgr.F02656.2	0.1391	-2.8458	0.016136	1.7922
Eucgr.K03506.1	7.184	2.8448	0.016411	1.7849
Eucgr.D02643.1	0.10754	-3.2171	0.01645	1.7838
Eucgr.H00722.1	7.1321	2.8343	0.016513	1.7822
Eucgr.I02400.2	0.14279	-2.8081	0.016879	1.7727
Eucgr.K02981.1	0.13305	-2.9099	0.017122	1.7664
Eucgr.F02557.1	9.5615	3.2572	0.018834	1.7251
Eucgr.A01392.1	9.1795	3.1984	0.018834	1.7251
Eucgr.K03402.1	0.14612	-2.7748	0.018834	1.7251
Eucgr.A01471.1	7.343	2.8764	0.019441	1.7113
Eucgr.J00239.1	7.4262	2.8926	0.019726	1.705
Eucgr.H03435.1	9.9329	3.3122	0.020147	1.6958
Eucgr.J02954.1	0.11999	-3.0591	0.020758	1.6828
Eucgr.I01495.1	0.098546	-3.3431	0.020848	1.6809
Eucgr.F02435.2	9.6691	3.2734	0.020848	1.6809
Eucgr.J00335.1	0.10739	-3.219	0.021155	1.6746
Eucgr.C00879.1	9.7447	3.2846	0.023404	1.6307
Eucgr.D02110.1	9.9578	3.3158	0.024993	1.6022
Eucgr.J02430.1	10.69	3.4182	0.025882	1.587
Eucgr.E03298.1	11.045	3.4653	0.026646	1.5744
Eucgr.B01559.1	7.4016	2.8878	0.028067	1.5518
Eucgr.K02040.1	10.02	3.3249	0.028378	1.547
Eucgr.I01368.1	0.09551	-3.3882	0.029337	1.5326
Eucgr.H00136.1	0.10356	-3.2714	0.029337	1.5326
Eucgr.B00538.1	7.9468	2.9904	0.03003	1.5224
Eucgr.G02235.1	11.104	3.473	0.031341	1.5039
Eucgr.F02978.1	7.6746	2.9401	0.031341	1.5039
Eucgr.D00987.1	0.10583	-3.2402	0.033106	1.4801
Eucgr.K02286.1	0.089807	-3.477	0.035452	1.4504
Eucgr.J01359.1	0.11633	-3.1038	0.036199	1.4413
Eucgr.I02753.1	12.632	3.659	0.037197	1.4295
Eucgr.F04109.1	0.10997	-3.1849	0.037272	1.4286

Eucgr.E00053.1	13.143	3.7163	0.037789	1.4226
Eucgr.L01908.1	0.098528	-3.3433	0.039135	1.4074
Eucgr.E00099.1	11.291	3.4971	0.043735	1.3592
Eucgr.G02873.1	14.354	3.8434	0.045493	1.3421
Eucgr.A02790.1	0.077659	-3.6867	0.045493	1.3421
Eucgr.E00653.1	13.267	3.7298	0.048135	1.3175

ANEXO 12

Anexo 12: Proteínas significativas pelo teste t (p -valor $< 0,05$) para a análise entre genótipos para caule. ID = identificação dentro da base de dados do *Phytozome*, FC = Fold Change, razão entre as abundâncias das proteínas Tolerante e Suscetível; $\log_2(FC)$ = fold change logarítimo; p .ajusted = valor de p ajustado; $-\log_{10}(p)$ = valor de p logarítimo de 10.

ID	FC	$\log_2(FC)$	p .ajusted	$-\log_{10}(p)$
Eucgr.K00785.1	5.049	2.336	1.66E-07	6.7812
Eucgr.F01561.1	5.2293	2.3866	1.56E-05	4.8079
Eucgr.G03150.1	5.2229	2.3848	1.56E-05	4.8079
Eucgr.A02874.1	0.19286	-2.3744	1.56E-05	4.8079
Eucgr.D01945.1	0.18986	-2.397	2.01E-05	4.6968
Eucgr.A00549.1	0.18991	-2.3966	2.01E-05	4.6968
Eucgr.E01107.1	0.18955	-2.3993	2.05E-05	4.6878
Eucgr.A02793.1	0.19235	-2.3782	2.25E-05	4.6482
Eucgr.D02015.1	5.1702	2.3702	2.25E-05	4.6482
Eucgr.A01109.1	5.3057	2.4075	2.49E-05	4.6045
Eucgr.F01094.1	5.2665	2.3969	2.60E-05	4.5859
Eucgr.F02744.2	0.18903	-2.4033	3.99E-05	4.3991
Eucgr.L01334.1	0.18492	-2.4351	4.18E-05	4.3785
Eucgr.F02656.1	5.3426	2.4176	5.31E-05	4.2747
Eucgr.G02837.2	5.4676	2.4509	5.66E-05	4.2472
Eucgr.K01363.1	0.18492	-2.435	5.66E-05	4.2472
Eucgr.B02532.1	0.19064	-2.3911	5.66E-05	4.2472
Eucgr.D01169.1	5.4942	2.4579	5.69E-05	4.2451
Eucgr.H04427.1	0.1846	-2.4375	7.45E-05	4.1279
Eucgr.D02461.1	0.1795	-2.478	8.71E-05	4.06
Eucgr.F01219.1	5.3639	2.4233	8.71E-05	4.06
Eucgr.J00164.1	0.17996	-2.4743	0.00010247	3.9894
Eucgr.B00436.2	5.6786	2.5055	0.0001311	3.8824
Eucgr.B00177.1	0.17556	-2.51	0.00013925	3.8562
Eucgr.K02726.1	5.6291	2.4929	0.00015671	3.8049
Eucgr.H04490.1	5.3992	2.4327	0.00016142	3.792
Eucgr.F02018.1	5.7748	2.5298	0.00016783	3.7751
Eucgr.F00330.2	5.7681	2.5281	0.00016783	3.7751
Eucgr.G02332.1	0.17601	-2.5063	0.00016783	3.7751
Eucgr.J00326.1	5.6175	2.4899	0.00016783	3.7751
Eucgr.B01427.1	5.513	2.4628	0.00016783	3.7751
Eucgr.L03031.1	0.17278	-2.533	0.00016866	3.773
Eucgr.E02712.1	5.7094	2.5133	0.0001715	3.7657
Eucgr.J01387.1	0.17164	-2.5426	0.0001834	3.7366
Eucgr.I00580.1	0.17191	-2.5403	0.0001834	3.7366
Eucgr.D02072.1	0.17689	-2.4991	0.0001834	3.7366
Eucgr.D02073.1	0.18026	-2.4718	0.00018353	3.7363
Eucgr.F01883.1	5.7479	2.523	0.00019848	3.7023

Eucgr.E02404.1	5.6372	2.495	0.00019848	3.7023
Eucgr.B03593.1	0.18354	-2.4458	0.00019848	3.7023
Eucgr.E03986.2	0.17545	-2.5109	0.00022173	3.6542
Eucgr.K02074.1	0.16669	-2.5848	0.00026502	3.5767
Eucgr.E00872.1	0.16442	-2.6046	0.00028451	3.5459
Eucgr.G01919.1	6.0724	2.6023	0.00028451	3.5459
Eucgr.H04121.1	0.16482	-2.601	0.00028451	3.5459
Eucgr.A02465.1	6.0605	2.5994	0.00028451	3.5459
Eucgr.E00375.1	0.16592	-2.5914	0.00028451	3.5459
Eucgr.F03724.1	5.903	2.5615	0.00028451	3.5459
Eucgr.B01931.1	5.8877	2.5577	0.00029984	3.5231
Eucgr.B01011.2	6.1147	2.6123	0.00033033	3.4811
Eucgr.I01037.1	5.8394	2.5458	0.00033266	3.478
Eucgr.A01161.1	0.16131	-2.6321	0.00038504	3.4145
Eucgr.I01557.1	0.17613	-2.5053	0.00038504	3.4145
Eucgr.G01646.2	5.6699	2.5033	0.00038646	3.4129
Eucgr.E03294.1	6.2132	2.6353	0.00042658	3.37
Eucgr.F04026.1	0.16291	-2.6179	0.00042658	3.37
Eucgr.C00846.1	5.7331	2.5193	0.00042658	3.37
Eucgr.I01148.1	0.16809	-2.5727	0.0004302	3.3663
Eucgr.K02074.2	0.15907	-2.6522	0.0004346	3.3619
Eucgr.D02118.3	0.15774	-2.6644	0.00044904	3.3477
Eucgr.K02534.1	5.9401	2.5705	0.00044904	3.3477
Eucgr.L00349.1	0.17657	-2.5017	0.00044904	3.3477
Eucgr.C03207.1	5.9999	2.5849	0.00045122	3.3456
Eucgr.E00873.1	6.4156	2.6816	0.00047182	3.3262
Eucgr.C00797.1	6.1777	2.6271	0.00047182	3.3262
Eucgr.G00652.1	0.17653	-2.502	0.00047694	3.3215
Eucgr.H01083.1	5.9458	2.5719	0.00048901	3.3107
Eucgr.D02512.1	6.3308	2.6624	0.00050277	3.2986
Eucgr.B03587.1	0.15954	-2.648	0.00050277	3.2986
Eucgr.D02237.1	6.4768	2.6953	0.00051648	3.2869
Eucgr.A00052.1	0.15383	-2.7006	0.00055366	3.2568
Eucgr.J01625.1	0.15662	-2.6747	0.00055366	3.2568
Eucgr.G02327.1	6.0996	2.6087	0.00055366	3.2568
Eucgr.E02007.1	0.15393	-2.6996	0.00057144	3.243
Eucgr.A00780.1	6.4905	2.6983	0.00057144	3.243
Eucgr.H00498.1	6.4748	2.6948	0.00057144	3.243
Eucgr.B02433.1	0.16195	-2.6264	0.00057144	3.243
Eucgr.E02953.1	5.9767	2.5793	0.00057144	3.243
Eucgr.D01934.2	0.16786	-2.5747	0.00057144	3.243
Eucgr.K02740.1	0.15237	-2.7144	0.0005741	3.241
Eucgr.C00185.1	6.4605	2.6916	0.00063449	3.1976
Eucgr.H04666.1	5.9875	2.582	0.00064848	3.1881
Eucgr.G02102.1	6.5292	2.7069	0.00065153	3.1861

Eucgr.F01173.1	6.7476	2.7544	0.000658	3.1818
Eucgr.K01428.1	6.7723	2.7596	0.00070349	3.1527
Eucgr.A01783.1	5.9922	2.5831	0.00070349	3.1527
Eucgr.F02718.1	6.7719	2.7596	0.00071546	3.1454
Eucgr.B02881.1	6.5261	2.7062	0.00073867	3.1315
Eucgr.H01216.1	0.15282	-2.7101	0.00074427	3.1283
Eucgr.A02793.4	0.15923	-2.6508	0.00074427	3.1283
Eucgr.B03902.1	6.8885	2.7842	0.00074676	3.1268
Eucgr.E01009.1	0.16551	-2.595	0.00074676	3.1268
Eucgr.G02988.1	0.16003	-2.6436	0.00079604	3.0991
Eucgr.C00837.1	0.15025	-2.7346	0.00081421	3.0893
Eucgr.B03732.1	0.1509	-2.7284	0.00083904	3.0762
Eucgr.G01350.2	0.1539	-2.7	0.00083904	3.0762
Eucgr.B00384.1	0.14917	-2.745	0.00084579	3.0727
Eucgr.F02243.1	6.9919	2.8057	0.00086812	3.0614
Eucgr.K01803.1	0.14745	-2.7617	0.00088058	3.0552
Eucgr.A02473.1	6.9082	2.7883	0.00088808	3.0515
Eucgr.G00061.1	7.1231	2.8325	0.00090777	3.042
Eucgr.F00108.3	0.14058	-2.8306	0.00090777	3.042
Eucgr.J02605.2	7.007	2.8088	0.00091927	3.0366
Eucgr.J00434.1	0.1604	-2.6402	0.00094998	3.0223
Eucgr.F03171.1	6.1166	2.6127	0.0010315	2.9865
Eucgr.J01978.1	7.2668	2.8613	0.001034	2.9855
Eucgr.B00637.1	0.13715	-2.8661	0.0010485	2.9794
Eucgr.H01169.1	6.9844	2.8041	0.0010664	2.9721
Eucgr.H02960.3	0.14969	-2.7399	0.0010664	2.9721
Eucgr.J02848.1	6.5702	2.7159	0.0010888	2.9631
Eucgr.E03957.1	7.0078	2.809	0.0011109	2.9543
Eucgr.H03918.1	6.6429	2.7318	0.0014917	2.8263
Eucgr.L01682.1	6.9038	2.7874	0.0016029	2.7951
Eucgr.C03004.1	6.7946	2.7644	0.0016404	2.785
Eucgr.A02672.1	0.13246	-2.9164	0.0017144	2.7659
Eucgr.B03243.1	0.13889	-2.848	0.0019596	2.7078
Eucgr.I01408.1	0.13782	-2.8591	0.0020329	2.6919
Eucgr.B00224.1	0.1288	-2.9568	0.0020632	2.6855
Eucgr.J00524.1	7.7168	2.948	0.0020632	2.6855
Eucgr.L03200.2	0.13118	-2.9304	0.0020632	2.6855
Eucgr.J01052.1	7.1554	2.839	0.0020632	2.6855
Eucgr.F00647.1	0.15154	-2.7222	0.0020638	2.6853
Eucgr.G02430.1	7.9217	2.9858	0.0021024	2.6773
Eucgr.K03426.1	8.153	3.0273	0.0022826	2.6416
Eucgr.A02174.1	0.12095	-3.0475	0.0023062	2.6371
Eucgr.A00055.1	0.12302	-3.0231	0.0023178	2.6349
Eucgr.I01911.1	0.11734	-3.0913	0.0023791	2.6236
Eucgr.A02306.1	7.1037	2.8286	0.0024121	2.6176
Eucgr.K03506.1	8.5414	3.0945	0.0024377	2.613

Eucgr.J00458.1	0.11578	-3.1106	0.0025102	2.6003
Eucgr.D00502.1	0.11743	-3.0901	0.0025102	2.6003
Eucgr.E03986.1	0.13654	-2.8726	0.0025102	2.6003
Eucgr.A01969.1	0.14186	-2.8175	0.0025102	2.6003
Eucgr.G00082.1	0.14942	-2.7426	0.0025102	2.6003
Eucgr.L01763.1	8.191	3.034	0.0025941	2.586
Eucgr.A01453.1	8.3888	3.0685	0.0028514	2.5449
Eucgr.G03085.1	7.7088	2.9465	0.0028832	2.5401
Eucgr.I02395.1	7.8002	2.9635	0.0030474	2.5161
Eucgr.D02643.1	9.2991	3.2171	0.0032414	2.4893
Eucgr.K02981.1	7.5157	2.9099	0.0034209	2.4659
Eucgr.F03755.1	0.10448	-3.2587	0.0036788	2.4343
Eucgr.B01559.1	9.6732	3.274	0.0036841	2.4337
Eucgr.B00320.1	0.11329	-3.1419	0.0036841	2.4337
Eucgr.F04002.1	0.12276	-3.0261	0.0039587	2.4024
Eucgr.B02673.1	0.099972	-3.3223	0.0041826	2.3786
Eucgr.B00538.1	10.056	3.33	0.0042236	2.3743
Eucgr.I01495.1	10.148	3.3431	0.0042657	2.37
Eucgr.J00335.1	9.3116	3.219	0.0043272	2.3638
Eucgr.C03703.1	0.1139	-3.1342	0.0044788	2.3488
Eucgr.C02666.1	0.10307	-3.2783	0.0048146	2.3174
Eucgr.H04339.1	0.11601	-3.1077	0.0049931	2.3016
Eucgr.F02435.2	8.7221	3.1247	0.0050015	2.3009
Eucgr.K02040.1	10.002	3.3223	0.0058978	2.2293
Eucgr.H03435.1	7.7988	2.9633	0.0060657	2.2171
Eucgr.E01103.1	0.093882	-3.413	0.0061573	2.2106
Eucgr.H00952.2	0.13108	-2.9314	0.0062578	2.2036
Eucgr.F01813.1	0.085499	-3.5479	0.0064152	2.1928
Eucgr.D00987.1	9.449	3.2402	0.0068996	2.1612
Eucgr.J02430.1	8.9371	3.1598	0.0070676	2.1507
Eucgr.E00184.1	0.12825	-2.963	0.0070975	2.1489
Eucgr.J01359.1	8.5966	3.1038	0.0075627	2.1213
Eucgr.F02993.1	0.10827	-3.2073	0.0077724	2.1094
Eucgr.K01953.1	0.09703	-3.3654	0.0080364	2.0949
Eucgr.E00099.1	12.08	3.5946	0.0082544	2.0833
Eucgr.E03298.1	8.4096	3.072	0.0083788	2.0768
Eucgr.J00367.1	0.10444	-3.2592	0.0084861	2.0713
Eucgr.F01883.2	0.07574	-3.7228	0.0088391	2.0536
Eucgr.B02473.1	0.072988	-3.7762	0.0095309	2.0209
Eucgr.A02790.1	12.877	3.6867	0.0095309	2.0209
Eucgr.J01976.1	0.094444	-3.4044	0.0095309	2.0209
Eucgr.G02235.1	14.075	3.8151	0.0098089	2.0084
Eucgr.A01018.2	0.085985	-3.5398	0.0098257	2.0076
Eucgr.F02557.1	15.893	3.9903	0.010959	1.9602
Eucgr.K02769.1	0.10865	-3.2023	0.010959	1.9602

Eucgr.H00136.1	15.452	3.9497	0.011346	1.9452
Eucgr.I01173.1	0.060983	-4.0355	0.011369	1.9443
Eucgr.H03025.1	0.058081	-4.1058	0.012222	1.9128
Eucgr.K02286.1	15.23	3.9288	0.012222	1.9128
Eucgr.I01709.1	17.939	4.165	0.012788	1.8932
Eucgr.E00053.1	9.5703	3.2586	0.012788	1.8932
Eucgr.H01112.1	0.053863	-4.2146	0.013466	1.8708
Eucgr.G02178.1	19.342	4.2737	0.014019	1.8533
Eucgr.A01535.2	0.068062	-3.877	0.014055	1.8522
Eucgr.I01368.1	12.982	3.6985	0.014179	1.8483
Eucgr.J02393.1	20.017	4.3232	0.014297	1.8447
Eucgr.B00995.2	19.97	4.3197	0.014297	1.8447
Eucgr.I02797.3	0.053124	-4.2345	0.014613	1.8353
Eucgr.L02980.1	19.489	4.2846	0.014644	1.8343
Eucgr.D00194.1	21.088	4.3984	0.01485	1.8283
Eucgr.D00551.1	21.054	4.396	0.01485	1.8283
Eucgr.H00803.1	0.047952	-4.3823	0.01485	1.8283
Eucgr.G00116.1	0.046745	-4.4191	0.015066	1.822
Eucgr.G02443.1	0.045947	-4.4439	0.015162	1.8192
Eucgr.I02024.1	21.704	4.4399	0.015162	1.8192
Eucgr.G02177.1	21.695	4.4393	0.015162	1.8192
Eucgr.E00620.1	0.087935	-3.5074	0.016091	1.7934
Eucgr.G02873.1	19.674	4.2982	0.016299	1.7878
Eucgr.D02110.1	15.33	3.9382	0.01665	1.7786
Eucgr.K01422.1	0.041982	-4.5741	0.016723	1.7767
Eucgr.F03253.1	24.185	4.5961	0.016729	1.7765
Eucgr.C00879.1	15.343	3.9395	0.016896	1.7722
Eucgr.K02668.1	24.318	4.604	0.017085	1.7674
Eucgr.D01184.1	26.015	4.7012	0.017571	1.7552
Eucgr.J01950.1	25.301	4.6611	0.017571	1.7552
Eucgr.G03098.1	24.476	4.6133	0.018086	1.7426
Eucgr.F04109.1	18.769	4.2303	0.018195	1.7401
Eucgr.I02784.1	27.502	4.7815	0.01827	1.7383
Eucgr.E00569.1	26.996	4.7547	0.018293	1.7377
Eucgr.I01206.1	27.935	4.804	0.018417	1.7348
Eucgr.D02202.1	0.035137	-4.8309	0.018519	1.7324
Eucgr.G03138.3	0.035256	-4.826	0.018519	1.7324
Eucgr.D00506.1	0.071182	-3.8123	0.018996	1.7213
Eucgr.A01471.1	11.647	3.5419	0.01922	1.7162
Eucgr.G02812.1	0.031731	-4.978	0.019738	1.7047
Eucgr.D02179.1	0.031784	-4.9755	0.019738	1.7047
Eucgr.D00177.1	30.972	4.9529	0.019738	1.7047
Eucgr.J01983.1	30.388	4.9254	0.019738	1.7047
Eucgr.K01196.1	0.06508	-3.9416	0.019852	1.7022
Eucgr.A02190.1	15.496	3.9538	0.019927	1.7006
Eucgr.B00132.2	32.583	5.0261	0.020163	1.6955

Eucgr.H00722.1	11.987	3.5834	0.020163	1.6955
Eucgr.F02475.1	0.037544	-4.7353	0.020663	1.6848
Eucgr.I02611.1	34.786	5.1205	0.020822	1.6815
Eucgr.E03921.1	35.834	5.1633	0.021195	1.6738
Eucgr.D00001.1	36.322	5.1828	0.021494	1.6677
Eucgr.J03127.1	15.917	3.9925	0.021494	1.6677
Eucgr.E03920.1	36.875	5.2046	0.021498	1.6676
Eucgr.K02164.1	38.925	5.2826	0.021666	1.6642
Eucgr.B02118.1	0.025835	-5.2745	0.021666	1.6642
Eucgr.G02545.1	0.027916	-5.1628	0.021666	1.6642
Eucgr.C00165.2	15.991	3.9992	0.021666	1.6642
Eucgr.K01055.1	14.789	3.8865	0.021666	1.6642
Eucgr.H05116.1	12.651	3.6611	0.021666	1.6642
Eucgr.H02772.1	41.378	5.3708	0.022429	1.6492
Eucgr.F00109.1	0.025368	-5.3008	0.022429	1.6492
Eucgr.F02610.1	15.308	3.9362	0.022429	1.6492
Eucgr.H03460.1	14.547	3.8627	0.022429	1.6492
Eucgr.B01308.3	41.059	5.3596	0.022549	1.6469
Eucgr.C01741.1	0.023944	-5.3842	0.022699	1.644
Eucgr.J01789.1	0.02142	-5.5449	0.023506	1.6288
Eucgr.H00474.1	0.021955	-5.5093	0.023506	1.6288
Eucgr.F01627.1	0.022237	-5.4909	0.023506	1.6288
Eucgr.F03636.1	44.211	5.4663	0.023506	1.6288
Eucgr.G01124.1	0.022701	-5.4611	0.023506	1.6288
Eucgr.J00048.1	0.020946	-5.5771	0.02362	1.6267
Eucgr.D02015.3	23.257	4.5396	0.02362	1.6267
Eucgr.E01218.2	0.05939	-4.0736	0.02362	1.6267
Eucgr.E00488.1	47.213	5.5611	0.023659	1.626
Eucgr.E02361.2	0.02037	-5.6174	0.023705	1.6252
Eucgr.G03128.1	0.057685	-4.1157	0.023987	1.62
Eucgr.F02773.1	0.02035	-5.6188	0.024141	1.6172
Eucgr.D02497.1	0.068375	-3.8704	0.024443	1.6118
Eucgr.K01401.1	0.017877	-5.8058	0.025139	1.5997
Eucgr.L00543.1	0.018029	-5.7935	0.025139	1.5997
Eucgr.B02135.1	51.259	5.6797	0.025139	1.5997
Eucgr.E01268.1	56.889	5.8301	0.025213	1.5984
Eucgr.D02179.2	0.064597	-3.9524	0.025396	1.5952
Eucgr.J01950.3	0.017102	-5.8697	0.025724	1.5897
Eucgr.F02656.2	56.891	5.8301	0.025724	1.5897
Eucgr.H00009.1	0.01576	-5.9876	0.026558	1.5758
Eucgr.K02993.1	0.027595	-5.1795	0.026558	1.5758
Eucgr.B03507.2	14.096	3.8173	0.027089	1.5672
Eucgr.H02358.5	29.005	4.8582	0.027195	1.5655
Eucgr.A02651.1	17.391	4.1202	0.028661	1.5427
Eucgr.C01514.1	14.658	3.8736	0.028802	1.5406

Eucgr.E04235.1	0.046734	-4.4194	0.030081	1.5217
Eucgr.L01908.1	86.494	6.4345	0.030675	1.5132
Eucgr.G02039.1	0.01321	-6.2423	0.030675	1.5132
Eucgr.J01957.1	0.007975	-6.9704	0.034609	1.4608
Eucgr.H03284.1	0.010607	-6.5589	0.034716	1.4595
Eucgr.J00239.1	88.13	6.4616	0.034855	1.4577
Eucgr.B03143.1	19.892	4.3141	0.035445	1.4504
Eucgr.H04903.1	0.055627	-4.1681	0.035487	1.4499
Eucgr.K03402.1	159.95	7.3214	0.035817	1.4459
Eucgr.K02283.3	0.031653	-4.9815	0.036925	1.4327
Eucgr.I01712.1	230.8	7.8505	0.039474	1.4037
Eucgr.F02978.1	226.93	7.8261	0.040236	1.3954
Eucgr.A00382.1	270.73	8.0807	0.040798	1.3894
Eucgr.D00261.1	0.002876	-8.4417	0.043088	1.3656
Eucgr.G03023.1	0.00279	-8.4854	0.043408	1.3624

ANEXO 13

Anexo 13: Proteínas significativas pelo teste t (p-valor < 0,05) para o genótipo Suscetível de raiz. ID = identificação dentro da base de dados do *Phytozome*, FC = Fold Change, razão entre as abundâncias das proteínas Controle e Estressado; log₂(FC) = fold change logaritmo; p.adjusted = valor de p ajustado; -log₁₀(p) = valor de p logaritmo de 10.

ID	FC	log ₂ (FC)	p.adjusted	-log ₁₀ (p)
Eucgr.B03460.2	0.19681	-2.3451	8.15E-06	5.089
Eucgr.G03132.1	0.1964	-2.3482	1.19E-05	4.9258
Eucgr.A02651.1	0.19286	-2.3744	4.05E-05	4.3931
Eucgr.C00902.1	0.19257	-2.3766	5.85E-05	4.2331
Eucgr.B02610.1	0.19054	-2.3918	6.97E-05	4.1571
Eucgr.K01233.1	0.19244	-2.3776	8.63E-05	4.0641
Eucgr.E03674.1	0.19236	-2.3781	0.00010011	3.9995
Eucgr.J02207.3	0.18975	-2.3978	0.00023022	3.6379
Eucgr.I00009.1	0.18221	-2.4563	0.00034331	3.4643
Eucgr.A01180.1	0.1823	-2.4556	0.00034331	3.4643
Eucgr.A01109.1	0.18424	-2.4403	0.00034331	3.4643
Eucgr.E00360.1	0.18455	-2.438	0.00034331	3.4643
Eucgr.I02418.1	0.18547	-2.4307	0.00034331	3.4643
Eucgr.B03604.2	0.18768	-2.4136	0.00034331	3.4643
Eucgr.E01107.1	0.18738	-2.416	0.00036178	3.4416
Eucgr.F01883.2	0.18158	-2.4613	0.00045497	3.342
Eucgr.B00131.1	0.18355	-2.4457	0.00046032	3.3369
Eucgr.A02790.1	0.1791	-2.4812	0.0004894	3.3103
Eucgr.H04012.1	0.17573	-2.5086	0.0006696	3.1742
Eucgr.K00048.2	0.17602	-2.5062	0.0006696	3.1742
Eucgr.I00224.3	0.17748	-2.4943	0.00067372	3.1715
Eucgr.E03676.1	0.17387	-2.5239	0.0010829	2.9654
Eucgr.D00287.1	0.18338	-2.4471	0.0010829	2.9654
Eucgr.G02990.1	0.1702	-2.5547	0.0010991	2.959
Eucgr.D00645.1	5.8702	2.5534	0.0010991	2.959
Eucgr.H00884.1	0.17091	-2.5487	0.0010991	2.959
Eucgr.A01204.1	0.17327	-2.5289	0.0010991	2.959
Eucgr.F04458.1	0.18295	-2.4505	0.0010991	2.959
Eucgr.F02877.1	0.16962	-2.5596	0.001403	2.853
Eucgr.C01818.1	0.17824	-2.4881	0.001403	2.853
Eucgr.J02596.1	0.16967	-2.5592	0.0014229	2.8468
Eucgr.H02606.1	0.17223	-2.5376	0.0015252	2.8167
Eucgr.H02913.2	0.17697	-2.4984	0.0015839	2.8003
Eucgr.F04330.1	0.16639	-2.5874	0.001628	2.7883
Eucgr.K01492.1	0.16735	-2.5791	0.001628	2.7883
Eucgr.C00118.1	0.17227	-2.5373	0.0016882	2.7726
Eucgr.K03576.1	0.16616	-2.5894	0.0018067	2.7431

Eucgr.K01105.1	0.17378	-2.5247	0.0020224	2.6941
Eucgr.H04507.1	0.16199	-2.626	0.002315	2.6354
Eucgr.H04372.1	0.16418	-2.6066	0.0024024	2.6194
Eucgr.G02764.1	0.16592	-2.5915	0.0025258	2.5976
Eucgr.J02164.1	6.3333	2.663	0.0025915	2.5864
Eucgr.L02860.1	0.16218	-2.6244	0.0027526	2.5603
Eucgr.L03524.1	0.1666	-2.5855	0.0031574	2.5007
Eucgr.F02017.1	0.15888	-2.654	0.0035111	2.4546
Eucgr.J03033.1	6.0426	2.5952	0.0035111	2.4546
Eucgr.C01444.1	0.15772	-2.6646	0.0035312	2.4521
Eucgr.K01223.1	6.6577	2.735	0.0041804	2.3788
Eucgr.A01781.3	0.15222	-2.7158	0.0042938	2.3672
Eucgr.H02592.1	0.16737	-2.5789	0.0042938	2.3672
Eucgr.D02465.1	0.15961	-2.6473	0.0047641	2.322
Eucgr.K03247.1	0.15683	-2.6727	0.0050946	2.2929
Eucgr.J00124.1	0.16015	-2.6425	0.0050946	2.2929
Eucgr.C01792.1	0.14586	-2.7774	0.0051001	2.2924
Eucgr.F02872.2	6.8798	2.7824	0.0051348	2.2895
Eucgr.H00624.1	0.14741	-2.7621	0.0058689	2.2314
Eucgr.E00444.1	6.9577	2.7986	0.0058793	2.2307
Eucgr.E02319.1	6.6979	2.7437	0.0058793	2.2307
Eucgr.F04363.1	0.15434	-2.6958	0.0058793	2.2307
Eucgr.B01498.1	0.1594	-2.6493	0.0058793	2.2307
Eucgr.A02072.2	0.14095	-2.8268	0.0060216	2.2203
Eucgr.H02855.1	7.0239	2.8123	0.0060216	2.2203
Eucgr.H03953.1	0.14303	-2.8056	0.0060216	2.2203
Eucgr.L03200.2	0.16613	-2.5896	0.0060216	2.2203
Eucgr.G01473.1	7.1992	2.8478	0.0069995	2.1549
Eucgr.I01668.1	6.0378	2.594	0.0069995	2.1549
Eucgr.C04028.1	0.16613	-2.5896	0.0069995	2.1549
Eucgr.F02978.1	0.13692	-2.8686	0.007087	2.1495
Eucgr.F01226.2	0.13534	-2.8854	0.0074543	2.1276
Eucgr.G00649.1	6.777	2.7607	0.0074543	2.1276
Eucgr.B03154.1	6.7645	2.758	0.0074543	2.1276
Eucgr.A02306.1	7.3423	2.8762	0.007471	2.1266
Eucgr.B00320.1	0.13385	-2.9013	0.0079456	2.0999
Eucgr.J00326.1	0.15221	-2.7158	0.0080569	2.0938
Eucgr.F02557.1	6.713	2.747	0.0083738	2.0771
Eucgr.K00795.1	7.5973	2.9255	0.0084102	2.0752
Eucgr.C00879.1	0.13658	-2.8722	0.0085614	2.0675
Eucgr.E00560.1	0.13741	-2.8635	0.0085614	2.0675
Eucgr.K02283.3	6.6148	2.7257	0.0085614	2.0675
Eucgr.I00573.1	7.5334	2.9133	0.0086813	2.0614
Eucgr.A02852.1	0.13482	-2.8909	0.0087988	2.0556
Eucgr.D02015.1	0.12939	-2.9502	0.0093128	2.0309
Eucgr.A01273.1	0.12782	-2.9678	0.009546	2.0202

Eucgr.E01075.1	7.5214	2.911	0.0098205	2.0079
Eucgr.H03613.1	0.12782	-2.9678	0.010382	1.9837
Eucgr.K03205.1	7.5946	2.925	0.010382	1.9837
Eucgr.G01045.1	0.14025	-2.8339	0.010382	1.9837
Eucgr.D02118.2	6.9741	2.802	0.010382	1.9837
Eucgr.G02175.2	0.12327	-3.0201	0.011299	1.947
Eucgr.K02019.2	8.1376	3.0246	0.011558	1.9371
Eucgr.J02888.1	6.3678	2.6708	0.011558	1.9371
Eucgr.H01461.1	8.2304	3.041	0.011988	1.9213
Eucgr.A02778.1	0.15208	-2.7171	0.011988	1.9213
Eucgr.E00562.1	6.6881	2.7416	0.012201	1.9136
Eucgr.A02564.1	0.12438	-3.0072	0.013085	1.8832
Eucgr.B00436.2	0.119	-3.071	0.013176	1.8802
Eucgr.J01614.1	0.14383	-2.7976	0.013308	1.8759
Eucgr.E03299.1	6.7684	2.7588	0.013308	1.8759
Eucgr.D02157.1	0.11516	-3.1183	0.014045	1.8525
Eucgr.B03604.1	6.8063	2.7669	0.014647	1.8343
Eucgr.J00982.1	8.8366	3.1435	0.014943	1.8256
Eucgr.C00769.1	6.7816	2.7616	0.015611	1.8066
Eucgr.A00869.1	0.11012	-3.1828	0.016574	1.7806
Eucgr.F02571.1	7.3762	2.8829	0.016996	1.7696
Eucgr.A01781.1	7.9586	2.9925	0.018044	1.7437
Eucgr.K00427.1	0.1109	-3.1727	0.019278	1.7149
Eucgr.F00252.1	8.5422	3.0946	0.019314	1.7141
Eucgr.F03161.3	9.5819	3.2603	0.020194	1.6948
Eucgr.I01368.1	0.10552	-3.2444	0.020194	1.6948
Eucgr.D01945.1	8.691	3.1195	0.021072	1.6763
Eucgr.H03385.1	0.11942	-3.0659	0.021349	1.6706
Eucgr.F02035.1	9.0732	3.1816	0.021962	1.6583
Eucgr.B03178.1	9.0467	3.1774	0.024098	1.618
Eucgr.H04339.1	10.263	3.3593	0.024628	1.6086
Eucgr.F01462.1	10.125	3.3399	0.024765	1.6062
Eucgr.D01934.1	8.6151	3.1069	0.025116	1.6
Eucgr.K03601.1	10.5	3.3923	0.025523	1.5931
Eucgr.E00620.1	0.094465	-3.4041	0.025679	1.5904
Eucgr.F00368.1	10.079	3.3333	0.025679	1.5904
Eucgr.B02106.1	10.738	3.4246	0.026301	1.58
Eucgr.I01599.1	8.0241	3.0043	0.029449	1.5309
Eucgr.H03423.1	10.01	3.3234	0.030139	1.5209
Eucgr.H03303.1	0.11776	-3.0861	0.030848	1.5108
Eucgr.I01821.1	0.13028	-2.9403	0.031651	1.4996
Eucgr.G03227.1	11.698	3.5481	0.032341	1.4903
Eucgr.I00395.2	10.876	3.443	0.032341	1.4903
Eucgr.F02497.2	9.0038	3.1705	0.033174	1.4792
Eucgr.G01559.1	12.169	3.6051	0.034807	1.4583

Eucgr.G03075.1	10.683	3.4173	0.038406	1.4156
Eucgr.H02588.1	0.077415	-3.6913	0.038517	1.4143
Eucgr.E01697.1	0.078043	-3.6796	0.038517	1.4143
Eucgr.G03401.1	9.7444	3.2846	0.038517	1.4143
Eucgr.I00697.1	8.7568	3.1304	0.038517	1.4143
Eucgr.F01713.1	0.11995	-3.0595	0.042537	1.3712
Eucgr.K02326.1	10.094	3.3355	0.04277	1.3689
Eucgr.K01260.1	0.071871	-3.7985	0.043155	1.365
Eucgr.A02907.1	0.072339	-3.7891	0.043155	1.365
Eucgr.H02279.1	13.349	3.7386	0.043155	1.365
Eucgr.J02246.1	11.552	3.53	0.043155	1.365
Eucgr.F02872.1	0.079573	-3.6516	0.043468	1.3618
Eucgr.G01942.3	10.573	3.4023	0.043994	1.3566
Eucgr.D01888.1	0.24652	-2.0202	0.047717	1.3213
Eucgr.G01975.1	0.093683	-3.4161	0.048683	1.3126
Eucgr.I02029.1	10.111	3.3378	0.048683	1.3126

ANEXO 14

Anexo 14: Proteínas significativas pelo teste t (p-valor < 0,05) para o genótipo Tolerante de raiz. ID = identificação dentro da base de dados de *Phytozome*, FC = Fold Change, razão entre as abundâncias das proteínas Controle e Estressado; log₂(FC) = fold change logarítimo; p.adjusted = valor de p ajustado; -log₁₀(p) = valor de p logarítimo de 10.

ID	FC	log ₂ (FC)	p.adjusted	-log ₁₀ (p)
Eucgr.G02990.1	0.19914	-2.3281	4.98E-08	7.303
Eucgr.K01231.1	5.1098	2.3533	1.36E-05	4.8679
Eucgr.F01794.2	5.1654	2.3689	1.52E-05	4.8168
Eucgr.H04624.1	5.1387	2.3614	1.52E-05	4.8168
Eucgr.E04296.1	5.1052	2.352	1.52E-05	4.8168
Eucgr.E03986.1	5.2119	2.3818	5.54E-05	4.2566
Eucgr.A00423.1	5.3055	2.4075	0.00011105	3.9545
Eucgr.E00360.1	0.19246	-2.3773	0.00011497	3.9394
Eucgr.E00370.1	0.18683	-2.4202	0.00018791	3.726
Eucgr.E00486.1	5.2127	2.382	0.00018791	3.726
Eucgr.C00185.1	5.37	2.4249	0.00035334	3.4518
Eucgr.K00951.1	5.5006	2.4596	0.00043186	3.3647
Eucgr.I01236.1	0.18553	-2.4303	0.00043186	3.3647
Eucgr.C00062.2	5.3597	2.4222	0.00043186	3.3647
Eucgr.B02212.1	5.2713	2.3982	0.00043186	3.3647
Eucgr.I02629.1	0.17967	-2.4766	0.00055036	3.2594
Eucgr.F00366.1	0.17706	-2.4977	0.00061386	3.2119
Eucgr.G02880.1	5.6325	2.4938	0.00061386	3.2119
Eucgr.F04330.1	5.5653	2.4765	0.00061386	3.2119
Eucgr.J02605.2	5.5213	2.465	0.00061464	3.2114
Eucgr.A02929.1	0.18172	-2.4602	0.00064068	3.1934
Eucgr.F04198.1	0.17331	-2.5286	0.00074479	3.128
Eucgr.F01962.1	5.7558	2.525	0.00074479	3.128
Eucgr.I02062.1	5.6436	2.4966	0.00074479	3.128
Eucgr.K03532.1	5.5776	2.4797	0.00074479	3.128
Eucgr.K00795.1	5.5307	2.4675	0.00074479	3.128
Eucgr.F02557.1	5.4555	2.4477	0.00074479	3.128
Eucgr.I01557.2	0.17474	-2.5167	0.00084324	3.074
Eucgr.C00401.1	0.17665	-2.5011	0.0010279	2.9881
Eucgr.D00287.1	0.17502	-2.5144	0.0010561	2.9763
Eucgr.D00191.1	5.5087	2.4617	0.0010561	2.9763
Eucgr.C01584.1	5.4995	2.4593	0.0011861	2.9259
Eucgr.F03036.1	5.9475	2.5723	0.0011865	2.9257
Eucgr.D01092.1	5.9008	2.5609	0.0013245	2.8779
Eucgr.B03593.1	5.5673	2.477	0.0013245	2.8779
Eucgr.I02137.3	5.4893	2.4566	0.0014278	2.8453
Eucgr.G02550.1	0.16448	-2.604	0.0015018	2.8234
Eucgr.K03447.1	6.0485	2.5966	0.0015018	2.8234

Eucgr.B02376.1	0.16594	-2.5913	0.0015018	2.8234
Eucgr.J00854.1	6.1047	2.6099	0.0015227	2.8174
Eucgr.E00655.6	0.16752	-2.5776	0.0015227	2.8174
Eucgr.K03205.1	5.9489	2.5726	0.0015227	2.8174
Eucgr.A01386.1	6.0782	2.6036	0.0015689	2.8044
Eucgr.H01478.1	6.0044	2.586	0.0015689	2.8044
Eucgr.A01927.1	0.17512	-2.5136	0.0015689	2.8044
Eucgr.L02860.1	0.17642	-2.5029	0.0015689	2.8044
Eucgr.C01792.1	0.17691	-2.4989	0.0015689	2.8044
Eucgr.J02430.1	5.7233	2.5168	0.0015882	2.7991
Eucgr.F03800.1	5.8074	2.5379	0.0015942	2.7974
Eucgr.H02578.1	6.1894	2.6298	0.0016319	2.7873
Eucgr.F00252.2	0.16036	-2.6406	0.0017968	2.7455
Eucgr.A00992.1	6.1723	2.6258	0.0019084	2.7193
Eucgr.I02611.1	0.1602	-2.642	0.0020394	2.6905
Eucgr.B03850.1	0.15911	-2.6519	0.0021045	2.6768
Eucgr.J00124.1	0.17038	-2.5532	0.002254	2.647
Eucgr.G01749.1	6.4113	2.6806	0.0022681	2.6443
Eucgr.K03002.1	6.288	2.6526	0.0022681	2.6443
Eucgr.J00624.1	6.1853	2.6288	0.00239	2.6216
Eucgr.J00524.1	6.2579	2.6457	0.0024719	2.607
Eucgr.C02185.1	6.4787	2.6957	0.0024845	2.6048
Eucgr.C03901.1	5.8587	2.5506	0.0024845	2.6048
Eucgr.F00626.1	6.3174	2.6593	0.0025265	2.5975
Eucgr.I02392.1	0.15985	-2.6452	0.0029182	2.5349
Eucgr.I02078.1	6.1703	2.6253	0.0029182	2.5349
Eucgr.G02807.1	6.4522	2.6898	0.0029501	2.5302
Eucgr.H02908.9	6.6133	2.7254	0.0030053	2.5221
Eucgr.G03132.1	0.15896	-2.6533	0.0031288	2.5046
Eucgr.H04047.1	0.14883	-2.7483	0.0033498	2.475
Eucgr.J01562.1	6.8001	2.7655	0.0037163	2.4299
Eucgr.G00661.1	6.6653	2.7367	0.0037163	2.4299
Eucgr.H00134.1	6.5175	2.7043	0.0037163	2.4299
Eucgr.E01107.1	0.1445	-2.7908	0.0037776	2.4228
Eucgr.B02633.1	0.14615	-2.7744	0.0037776	2.4228
Eucgr.J03126.1	6.801	2.7657	0.0037776	2.4228
Eucgr.B02941.1	6.7271	2.75	0.0037776	2.4228
Eucgr.F02948.1	6.4844	2.697	0.0037776	2.4228
Eucgr.F00330.2	6.3874	2.6752	0.0037776	2.4228
Eucgr.K03601.1	6.2965	2.6546	0.0037776	2.4228
Eucgr.A01109.1	0.15979	-2.6457	0.0037776	2.4228
Eucgr.K01428.1	5.9555	2.5742	0.0037776	2.4228
Eucgr.H01051.1	5.9112	2.5635	0.0037776	2.4228
Eucgr.G01875.1	6.2284	2.6389	0.0040019	2.3977
Eucgr.J00710.1	7.0244	2.8124	0.0041588	2.381
Eucgr.F03661.1	6.4275	2.6843	0.0041588	2.381

Eucgr.H00469.1	0.1582	-2.6601	0.0041588	2.381
Eucgr.H02772.1	7.0767	2.8231	0.0042204	2.3746
Eucgr.E00653.1	0.144	-2.7959	0.0042204	2.3746
Eucgr.A02985.1	6.9152	2.7898	0.0042204	2.3746
Eucgr.H02855.1	6.5325	2.7076	0.0042204	2.3746
Eucgr.H01394.1	6.5752	2.717	0.004605	2.3368
Eucgr.F02299.1	7.1739	2.8428	0.0047176	2.3263
Eucgr.D01044.1	7.1584	2.8396	0.0048548	2.3138
Eucgr.H01253.1	6.6393	2.731	0.0048548	2.3138
Eucgr.F04458.1	6.8363	2.7732	0.0050884	2.2934
Eucgr.F00650.1	7.2404	2.8561	0.0051111	2.2915
Eucgr.G00649.1	6.7991	2.7654	0.0051546	2.2878
Eucgr.G03075.1	7.2229	2.8526	0.0052947	2.2762
Eucgr.B00498.1	7.1643	2.8408	0.0053219	2.2739
Eucgr.K01492.1	0.14846	-2.7518	0.0053219	2.2739
Eucgr.B03270.1	6.3895	2.6757	0.0053219	2.2739
Eucgr.B00995.2	0.13841	-2.853	0.0054485	2.2637
Eucgr.F00310.1	6.5294	2.707	0.0056274	2.2497
Eucgr.J01051.1	6.9335	2.7936	0.0056847	2.2453
Eucgr.B00415.1	0.15912	-2.6519	0.0058097	2.2358
Eucgr.K03315.1	0.15473	-2.6922	0.0058894	2.2299
Eucgr.B00872.1	7.6834	2.9417	0.0065483	2.1839
Eucgr.F02773.1	6.9773	2.8027	0.0065483	2.1839
Eucgr.L03160.1	7.7545	2.955	0.006626	2.1788
Eucgr.D00644.1	7.6844	2.9419	0.006626	2.1788
Eucgr.I00301.1	7.4867	2.9043	0.006626	2.1788
Eucgr.J02629.1	7.446	2.8965	0.006626	2.1788
Eucgr.E02408.1	6.9716	2.8015	0.006626	2.1788
Eucgr.B00499.1	6.7598	2.757	0.006626	2.1788
Eucgr.J00605.1	6.1943	2.6309	0.006626	2.1788
Eucgr.C00934.1	7.5164	2.91	0.0070951	2.149
Eucgr.K02186.1	6.5178	2.7044	0.0072537	2.1394
Eucgr.H02279.1	7.9688	2.9944	0.0075053	2.1246
Eucgr.I02466.1	6.7905	2.7635	0.007824	2.1066
Eucgr.J00529.1	0.15244	-2.7136	0.007824	2.1066
Eucgr.E03146.1	7.7954	2.9626	0.0078921	2.1028
Eucgr.J01959.1	0.15306	-2.7078	0.0078921	2.1028
Eucgr.B03154.1	7.2687	2.8617	0.0079688	2.0986
Eucgr.G01359.1	7.7955	2.9626	0.008538	2.0686
Eucgr.F02872.1	7.6047	2.9269	0.0086389	2.0635
Eucgr.F00368.1	7.5759	2.9214	0.0086389	2.0635
Eucgr.H04136.1	6.8278	2.7714	0.0086389	2.0635
Eucgr.A00131.1	8.3024	3.0535	0.0086938	2.0608
Eucgr.H04426.4	6.5638	2.7145	0.0086938	2.0608
Eucgr.D01166.1	7.6245	2.9306	0.008754	2.0578

Eucgr.A02790.1	0.12047	-3.0533	0.0089149	2.0499
Eucgr.J02249.1	8.1736	3.031	0.0089149	2.0499
Eucgr.J00326.1	8.2978	3.0527	0.0089301	2.0491
Eucgr.K02417.1	7.8092	2.9652	0.0091141	2.0403
Eucgr.B01600.1	8.539	3.0941	0.0097101	2.0128
Eucgr.J02519.1	0.12256	-3.0285	0.009866	2.0059
Eucgr.I00651.1	7.5168	2.9101	0.010064	1.9972
Eucgr.F01905.1	8.3404	3.0601	0.010446	1.981
Eucgr.A01969.1	6.8984	2.7863	0.010446	1.981
Eucgr.H04176.1	0.13027	-2.9405	0.010472	1.98
Eucgr.G02443.1	0.13794	-2.8579	0.010472	1.98
Eucgr.J02888.1	7.7523	2.9546	0.010814	1.966
Eucgr.G01375.1	7.3741	2.8825	0.010814	1.966
Eucgr.G02697.2	0.14492	-2.7866	0.010979	1.9594
Eucgr.C02352.1	7.5601	2.9184	0.011585	1.9361
Eucgr.G01370.1	8.2732	3.0484	0.011653	1.9336
Eucgr.E00562.1	8.9731	3.1656	0.011931	1.9233
Eucgr.H04196.1	0.12636	-2.9844	0.011931	1.9233
Eucgr.C04061.1	0.13818	-2.8554	0.011931	1.9233
Eucgr.E01587.1	7.0943	2.8267	0.011931	1.9233
Eucgr.C01585.1	7.3679	2.8812	0.012113	1.9167
Eucgr.C00879.1	7.5279	2.9123	0.012265	1.9113
Eucgr.E03299.1	6.8961	2.7858	0.012265	1.9113
Eucgr.A01021.1	4.5868	2.1975	0.013251	1.8778
Eucgr.I01516.1	8.886	3.1515	0.013579	1.8671
Eucgr.G02873.1	7.7683	2.9576	0.013579	1.8671
Eucgr.A02371.1	7.7993	2.9634	0.01374	1.862
Eucgr.L01120.1	0.10958	-3.1899	0.0159	1.7986
Eucgr.E03715.1	7.1163	2.8311	0.018183	1.7403
Eucgr.J00743.1	8.7472	3.1288	0.020445	1.6894
Eucgr.D00496.1	7.9352	2.9883	0.020445	1.6894
Eucgr.B03593.2	0.12339	-3.0187	0.020597	1.6862
Eucgr.F03253.1	10.653	3.4132	0.020875	1.6804
Eucgr.E02058.1	8.7281	3.1257	0.022582	1.6462
Eucgr.K02778.1	11.388	3.5095	0.023216	1.6342
Eucgr.B00132.1	9.8626	3.302	0.023432	1.6302
Eucgr.K02286.1	7.6318	2.932	0.024825	1.6051
Eucgr.I02744.1	12.062	3.5924	0.026566	1.5757
Eucgr.L03417.1	10.932	3.4504	0.027591	1.5592
Eucgr.I01333.1	8.4693	3.0822	0.028131	1.5508
Eucgr.I02029.1	9.3011	3.2174	0.029016	1.5374
Eucgr.K03295.1	11.422	3.5137	0.029125	1.5357
Eucgr.H00173.1	10.164	3.3453	0.031328	1.5041
Eucgr.C00646.1	12.568	3.6517	0.032347	1.4902
Eucgr.J00583.1	9.7791	3.2897	0.032733	1.485
Eucgr.D01975.1	11.785	3.5589	0.035922	1.4446

Eucgr.B02135.1	9.2997	3.2172	0.038135	1.4187
Eucgr.C03199.1	4.3042	2.1058	0.044523	1.3514

ANEXO 15

Anexo 15: Proteínas significativas pelo teste t (p -valor $< 0,05$) para a análise entre genótipos para raiz. ID = identificação dentro da base de dados do *Phytozome*, FC = Fold Change, razão entre as abundâncias das proteínas Tolerante e Suscetível; $\log_2(FC)$ = fold change logarítimo; p .ajusted = valor de p ajustado; $-\log_{10}(p)$ = valor de p logaritmo de 10.

ID	FC	$\log_2(FC)$	p .ajusted	$-\log_{10}(p)$
Eucgr.B03460.2	0.19681	-2.3451	1.80E-06	5.7437
Eucgr.E04296.1	5.1471	2.3638	4.31E-06	5.3655
Eucgr.H04624.1	5.141	2.3621	4.31E-06	5.3655
Eucgr.F01794.2	5.098	2.3499	4.31E-06	5.3655
Eucgr.C00902.1	0.19257	-2.3766	1.04E-05	4.9847
Eucgr.B02610.1	0.19054	-2.3918	1.10E-05	4.9579
Eucgr.E03986.1	5.211	2.3815	1.10E-05	4.9579
Eucgr.K01233.1	0.19244	-2.3776	1.43E-05	4.8437
Eucgr.E03674.1	0.19236	-2.3781	1.72E-05	4.7634
Eucgr.E00486.1	5.3746	2.4262	3.43E-05	4.4649
Eucgr.E00370.1	5.3524	2.4202	3.43E-05	4.4649
Eucgr.J02207.3	0.18975	-2.3978	3.43E-05	4.4649
Eucgr.C00185.1	5.4418	2.4441	6.34E-05	4.1977
Eucgr.I00009.1	0.18221	-2.4563	6.43E-05	4.1918
Eucgr.A01180.1	0.1823	-2.4556	6.43E-05	4.1918
Eucgr.B02212.1	5.5214	2.465	6.91E-05	4.1605
Eucgr.C00062.2	5.5121	2.4626	6.91E-05	4.1605
Eucgr.K00951.1	5.4514	2.4466	8.05E-05	4.0943
Eucgr.F01883.2	0.18158	-2.4613	8.48E-05	4.0714
Eucgr.I02629.1	5.5658	2.4766	9.64E-05	4.0159
Eucgr.H04012.1	0.17573	-2.5086	0.00011863	3.9258
Eucgr.K00048.2	0.17602	-2.5062	0.00011863	3.9258
Eucgr.J02605.2	5.6084	2.4876	0.00011863	3.9258
Eucgr.A02929.1	5.503	2.4602	0.00011863	3.9258
Eucgr.G02880.1	5.4717	2.452	0.00011863	3.9258
Eucgr.I02062.1	5.6054	2.4868	0.00014056	3.8521
Eucgr.K03532.1	5.7011	2.5112	0.000148	3.8297
Eucgr.F04198.1	5.77	2.5286	0.00015726	3.8034
Eucgr.D00191.1	5.8583	2.5505	0.00020859	3.6807
Eucgr.H00884.1	0.17091	-2.5487	0.00020859	3.6807
Eucgr.A01204.1	0.17327	-2.5289	0.00020859	3.6807
Eucgr.C00401.1	5.661	2.5011	0.00020859	3.6807
Eucgr.B03593.1	5.9456	2.5718	0.00025825	3.588
Eucgr.I02137.3	5.9783	2.5797	0.00026438	3.5778
Eucgr.F02877.1	0.16962	-2.5596	0.00026438	3.5778
Eucgr.F03036.1	5.5677	2.4771	0.00027702	3.5575
Eucgr.H02606.1	0.17223	-2.5376	0.00029212	3.5344
Eucgr.G02550.1	6.0796	2.604	0.00032884	3.483

Eucgr.B02376.1	6.0264	2.5913	0.00032884	3.483
Eucgr.C00118.1	0.17227	-2.5373	0.00033649	3.473
Eucgr.E00655.6	5.9693	2.5776	0.00034155	3.4665
Eucgr.A01927.1	5.7104	2.5136	0.00036236	3.4409
Eucgr.H01478.1	5.9626	2.5759	0.00037176	3.4297
Eucgr.A01386.1	5.8845	2.5569	0.00037975	3.4205
Eucgr.K01105.1	0.17378	-2.5247	0.00037975	3.4205
Eucgr.F00252.2	6.236	2.6406	0.00042691	3.3697
Eucgr.H04507.1	0.16199	-2.626	0.00042691	3.3697
Eucgr.H02578.1	5.768	2.5281	0.0004361	3.3604
Eucgr.A00992.1	6.0105	2.5875	0.00047046	3.3275
Eucgr.B03850.1	6.2851	2.6519	0.00049768	3.3031
Eucgr.C03901.1	6.3783	2.6732	0.00053501	3.2716
Eucgr.J00624.1	6.2418	2.642	0.00056327	3.2493
Eucgr.J02164.1	0.17377	-2.5248	0.00056327	3.2493
Eucgr.J00524.1	6.2259	2.6383	0.00059808	3.2232
Eucgr.I02078.1	6.4406	2.6872	0.00063097	3.2
Eucgr.C01444.1	0.15772	-2.6646	0.00063097	3.2
Eucgr.F02017.1	0.15888	-2.654	0.00063097	3.2
Eucgr.F00626.1	6.2319	2.6397	0.00063097	3.2
Eucgr.G01749.1	5.7281	2.5181	0.00063097	3.2
Eucgr.G03132.1	6.71	2.7463	0.00065751	3.1821
Eucgr.I02392.1	6.256	2.6452	0.00065751	3.1821
Eucgr.C02185.1	5.9021	2.5612	0.00065751	3.1821
Eucgr.G02807.1	6.2829	2.6514	0.00070625	3.151
Eucgr.A01781.3	0.15222	-2.7158	0.0007429	3.1291
Eucgr.K01428.1	6.726	2.7498	0.00076956	3.1138
Eucgr.H02908.9	6.0437	2.5954	0.00080114	3.0963
Eucgr.D02465.1	0.15961	-2.6473	0.00080311	3.0952
Eucgr.B02633.1	6.8421	2.7744	0.0008336	3.079
Eucgr.F00330.2	6.7098	2.7463	0.0008336	3.079
Eucgr.H00134.1	6.5154	2.7039	0.0008336	3.079
Eucgr.K03247.1	0.15683	-2.6727	0.0008336	3.079
Eucgr.K01223.1	0.17117	-2.5465	0.0008336	3.079
Eucgr.F02948.1	6.6645	2.7365	0.00085176	3.0697
Eucgr.F03661.1	6.8028	2.7661	0.00091321	3.0394
Eucgr.B02941.1	6.396	2.6772	0.00091321	3.0394
Eucgr.H00624.1	0.14741	-2.7621	0.00094527	3.0244
Eucgr.J01562.1	6.1212	2.6138	0.00094527	3.0244
Eucgr.I01668.1	0.1427	-2.809	0.00095493	3.02
Eucgr.J03126.1	6.416	2.6817	0.00096095	3.0173
Eucgr.E02319.1	0.14911	-2.7456	0.00096184	3.0169
Eucgr.B01498.1	0.1594	-2.6493	0.00096184	3.0169
Eucgr.H01394.1	6.9055	2.7877	0.00099713	3.0013
Eucgr.H03953.1	0.14303	-2.8056	0.0010099	2.9957

Eucgr.L03200.2	0.16613	-2.5896	0.0010099	2.9957
Eucgr.F02872.2	0.16822	-2.5716	0.0010099	2.9957
Eucgr.H01253.1	6.9592	2.7989	0.0010358	2.9847
Eucgr.B03270.1	7.144	2.8367	0.0010677	2.9715
Eucgr.J00710.1	6.1841	2.6286	0.0011554	2.9373
Eucgr.F00310.1	7.2038	2.8488	0.0011591	2.9359
Eucgr.F02978.1	0.13692	-2.8686	0.0011858	2.926
Eucgr.H02772.1	6.185	2.6288	0.0012051	2.919
Eucgr.J00605.1	7.3808	2.8838	0.001246	2.9045
Eucgr.K02283.3	0.1363	-2.8751	0.0012697	2.8963
Eucgr.B00995.2	7.225	2.853	0.0012697	2.8963
Eucgr.J01051.1	7.1359	2.8351	0.0012697	2.8963
Eucgr.D01044.1	6.5228	2.7055	0.0012697	2.8963
Eucgr.G01473.1	0.15307	-2.7078	0.0013018	2.8855
Eucgr.B00320.1	0.13385	-2.9013	0.0013026	2.8852
Eucgr.B00498.1	6.8435	2.7747	0.0013026	2.8852
Eucgr.F00650.1	6.5241	2.7058	0.0013225	2.8786
Eucgr.B00415.1	6.2847	2.6519	0.0013225	2.8786
Eucgr.K02186.1	7.5391	2.9144	0.0013449	2.8713
Eucgr.F02773.1	7.3275	2.8733	0.001358	2.8671
Eucgr.E00560.1	0.13741	-2.8635	0.0014144	2.8494
Eucgr.A02306.1	0.15145	-2.7231	0.001417	2.8486
Eucgr.A02852.1	0.13482	-2.8909	0.001489	2.8271
Eucgr.H04136.1	7.8229	2.9677	0.0016908	2.7719
Eucgr.E01075.1	0.1373	-2.8646	0.0017903	2.7471
Eucgr.C00934.1	7.2624	2.8604	0.0017903	2.7471
Eucgr.H03613.1	0.12782	-2.9678	0.0018064	2.7432
Eucgr.G01045.1	0.14025	-2.8339	0.0018064	2.7432
Eucgr.D00644.1	6.7877	2.7629	0.0018804	2.7258
Eucgr.B00872.1	6.509	2.7024	0.001927	2.7151
Eucgr.B03604.1	0.12257	-3.0284	0.0019683	2.7059
Eucgr.A01969.1	8.1543	3.0276	0.0019685	2.7059
Eucgr.L03160.1	6.5762	2.7173	0.0019949	2.7001
Eucgr.E03146.1	7.309	2.8697	0.0020414	2.6901
Eucgr.G01359.1	7.5308	2.9128	0.002107	2.6763
Eucgr.G01375.1	8.2807	3.0498	0.0022355	2.6506
Eucgr.K02417.1	7.8042	2.9642	0.0022355	2.6506
Eucgr.E01587.1	8.4464	3.0783	0.0022715	2.6437
Eucgr.J01614.1	0.14383	-2.7976	0.0023674	2.6257
Eucgr.J02519.1	8.1595	3.0285	0.0023886	2.6219
Eucgr.C02352.1	8.4133	3.0727	0.0024125	2.6175
Eucgr.D02157.1	0.11516	-3.1183	0.0024438	2.6119
Eucgr.K02019.2	0.14153	-2.8208	0.0024438	2.6119
Eucgr.G02443.1	7.2495	2.8579	0.002545	2.5943
Eucgr.G02697.2	6.9002	2.7866	0.0027232	2.5649
Eucgr.A01781.1	0.11631	-3.1039	0.0027921	2.5541

Eucgr.G02873.1	8.8046	3.1383	0.0028193	2.5499
Eucgr.A00131.1	6.772	2.7596	0.0028253	2.5489
Eucgr.A02371.1	8.8395	3.144	0.0028317	2.548
Eucgr.E03715.1	9.1505	3.1938	0.0029171	2.535
Eucgr.C03199.1	7.9517	2.9913	0.0030757	2.512
Eucgr.B01600.1	7.0449	2.8166	0.0031027	2.5083
Eucgr.I01368.1	0.10552	-3.2444	0.0035582	2.4488
Eucgr.I01599.1	0.10155	-3.2997	0.0038995	2.409
Eucgr.D01934.1	0.10558	-3.2436	0.0038995	2.409
Eucgr.K02286.1	10.041	3.3279	0.0040095	2.3969
Eucgr.F02035.1	0.11235	-3.154	0.0040095	2.3969
Eucgr.J00743.1	9.7477	3.2851	0.004175	2.3793
Eucgr.I01333.1	10.692	3.4184	0.004969	2.3037
Eucgr.F02497.2	0.095765	-3.3844	0.0049722	2.3035
Eucgr.B03593.2	8.1045	3.0187	0.0051008	2.2924
Eucgr.H03423.1	0.10033	-3.3171	0.0057153	2.243
Eucgr.H03303.1	0.11776	-3.0861	0.0058091	2.2359
Eucgr.J00583.1	11.579	3.5334	0.0065181	2.1859
Eucgr.G01559.1	0.081547	-3.6162	0.0068558	2.1639
Eucgr.I00395.2	0.099551	-3.3284	0.0070915	2.1493
Eucgr.G01942.3	0.083688	-3.5788	0.0074132	2.13
Eucgr.E01697.1	0.078043	-3.6796	0.0074672	2.1268
Eucgr.B02106.1	0.12053	-3.0525	0.0075494	2.1221
Eucgr.F01713.1	0.11995	-3.0595	0.0083805	2.0767
Eucgr.K02778.1	9.0826	3.1831	0.008542	2.0684
Eucgr.A02907.1	0.072339	-3.7891	0.0086995	2.0605
Eucgr.F03253.1	14.329	3.8408	0.0095781	2.0187
Eucgr.G03227.1	0.11241	-3.1531	0.0095781	2.0187
Eucgr.H04339.1	0.068092	-3.8764	0.0095904	2.0182
Eucgr.I02744.1	9.711	3.2796	0.0095904	2.0182
Eucgr.C00646.1	11.255	3.4924	0.0098558	2.0063
Eucgr.F01462.1	0.066414	-3.9124	0.010123	1.9947
Eucgr.K03295.1	14.13	3.8207	0.010468	1.9801
Eucgr.F03161.3	0.063429	-3.9787	0.01054	1.9771
Eucgr.D01975.1	12.452	3.6383	0.01078	1.9674
Eucgr.J02246.1	0.069195	-3.8532	0.011567	1.9368
Eucgr.B00132.1	16.716	4.0631	0.013447	1.8714
Eucgr.H04196.1	18.381	4.2002	0.013494	1.8699
Eucgr.J02249.1	18.964	4.2452	0.013642	1.8651
Eucgr.F01905.1	18.739	4.2279	0.013642	1.8651
Eucgr.B03178.1	0.055897	-4.1611	0.013642	1.8651
Eucgr.L03417.1	13.822	3.7889	0.013642	1.8651
Eucgr.F00252.1	0.053159	-4.2335	0.014154	1.8491
Eucgr.G01370.1	19.323	4.2722	0.01436	1.8428
Eucgr.H00173.1	17.181	4.1027	0.014784	1.8302

Eucgr.I00573.1	0.048105	-4.3777	0.014841	1.8285
Eucgr.G03401.1	0.05595	-4.1597	0.015116	1.8206
Eucgr.J02629.1	21.274	4.411	0.015183	1.8186
Eucgr.K02326.1	0.057028	-4.1322	0.015183	1.8186
Eucgr.G01975.1	0.058772	-4.0887	0.015253	1.8166
Eucgr.E00444.1	0.043945	-4.5081	0.015986	1.7963
Eucgr.E02058.1	19.835	4.31	0.016005	1.7957
Eucgr.H00469.1	23.3	4.5423	0.016127	1.7924
Eucgr.I00651.1	21.926	4.4545	0.016127	1.7924
Eucgr.D02118.2	0.041969	-4.5745	0.017217	1.764
Eucgr.E00653.1	25.368	4.6649	0.017835	1.7487
Eucgr.K00427.1	0.076041	-3.7171	0.017835	1.7487
Eucgr.G02764.1	0.037692	-4.7296	0.018046	1.7436
Eucgr.C01818.1	0.035991	-4.7962	0.018697	1.7282
Eucgr.E03676.1	0.033679	-4.892	0.019479	1.7104
Eucgr.J02430.1	29.509	4.8831	0.019479	1.7104
Eucgr.H01051.1	28.901	4.8531	0.019479	1.7104
Eucgr.F01226.2	0.035793	-4.8042	0.019479	1.7104
Eucgr.A00869.1	0.038607	-4.695	0.019479	1.7104
Eucgr.B00131.1	0.032926	-4.9246	0.019667	1.7063
Eucgr.H04047.1	30.356	4.9239	0.0202	1.6946
Eucgr.C01585.1	12.484	3.642	0.020253	1.6935
Eucgr.F02571.1	0.079383	-3.655	0.020263	1.6933
Eucgr.B00436.2	0.078782	-3.666	0.02061	1.6859
Eucgr.K01231.1	33.941	5.085	0.020937	1.6791
Eucgr.A02651.1	0.029558	-5.0803	0.020937	1.6791
Eucgr.I00224.3	0.028942	-5.1107	0.021268	1.6723
Eucgr.K03576.1	0.028946	-5.1105	0.021268	1.6723
Eucgr.D00496.1	28.876	4.8518	0.021268	1.6723
Eucgr.I01236.1	36.34	5.1835	0.021325	1.6711
Eucgr.B03604.2	0.027623	-5.178	0.021325	1.6711
Eucgr.A00423.1	36.177	5.177	0.021325	1.6711
Eucgr.B00499.1	35.846	5.1638	0.021325	1.6711
Eucgr.D01166.1	15.09	3.9155	0.021325	1.6711
Eucgr.D01092.1	36.174	5.1769	0.021334	1.6709
Eucgr.G02175.2	0.078741	-3.6667	0.021509	1.6674
Eucgr.D01888.1	0.033729	-4.8899	0.021736	1.6628
Eucgr.K01260.1	0.041702	-4.5837	0.021736	1.6628
Eucgr.F00366.1	41.478	5.3743	0.022536	1.6471
Eucgr.A01021.1	40.874	5.3531	0.022536	1.6471
Eucgr.D00645.1	0.024515	-5.3502	0.022536	1.6471
Eucgr.A02985.1	39.362	5.2987	0.022536	1.6471
Eucgr.J00854.1	41.29	5.3677	0.022539	1.6471
Eucgr.K03447.1	42.003	5.3924	0.022655	1.6448
Eucgr.C01584.1	43.971	5.4585	0.023094	1.6365
Eucgr.D01945.1	0.026507	-5.2375	0.023565	1.6277

Eucgr.K03315.1	49.629	5.6331	0.025052	1.6012
Eucgr.H01461.1	0.02141	-5.5455	0.025052	1.6012
Eucgr.H03385.1	0.023023	-5.4408	0.025052	1.6012
Eucgr.J00529.1	20.009	4.3226	0.025052	1.6012
Eucgr.J01959.1	50.332	5.6534	0.025236	1.598
Eucgr.A02778.1	0.019703	-5.6654	0.02534	1.5962
Eucgr.C00769.1	0.01933	-5.693	0.025745	1.5893
Eucgr.A02072.2	0.07257	-3.7845	0.026707	1.5734
Eucgr.I02466.1	61.55	5.9437	0.026953	1.5694
Eucgr.H04176.1	61.765	5.9487	0.027419	1.562
Eucgr.I01821.1	0.017399	-5.8449	0.027869	1.5549
Eucgr.H02592.1	0.05099	-4.2937	0.029379	1.532
Eucgr.I02611.1	16.518	4.0459	0.030306	1.5185
Eucgr.L01120.1	34.866	5.1237	0.031226	1.5055
Eucgr.G00661.1	24.295	4.6026	0.032649	1.4861
Eucgr.J02596.1	0.056954	-4.134	0.032714	1.4853
Eucgr.B02135.1	105.14	6.7161	0.033101	1.4802
Eucgr.K03002.1	23.575	4.5592	0.034084	1.4675
Eucgr.H04372.1	0.041324	-4.5969	0.03606	1.443
Eucgr.I02418.1	0.052617	-4.2483	0.037536	1.4255
Eucgr.I01516.1	75.296	6.2345	0.037986	1.4204
Eucgr.A02564.1	0.007715	-7.0181	0.039325	1.4053
Eucgr.I00301.1	196.03	7.615	0.039643	1.4018
Eucgr.E00620.1	0.020482	-5.6095	0.039713	1.4011
Eucgr.H04426.4	34.778	5.1201	0.039713	1.4011
Eucgr.F04363.1	0.00452	-7.7893	0.040423	1.3934
Eucgr.E02408.1	220.61	7.7854	0.040423	1.3934
Eucgr.D02015.1	0.004291	-7.8644	0.040971	1.3875
Eucgr.F03800.1	273.88	8.0974	0.042029	1.3765
Eucgr.J03033.1	0.006884	-7.1825	0.042223	1.3744
Eucgr.G01875.1	302.3	8.2398	0.042891	1.3676
Eucgr.F01962.1	367.29	8.5208	0.044358	1.353
Eucgr.F02299.1	210.1	7.7149	0.044358	1.353
Eucgr.I01557.2	146.37	7.1935	0.04452	1.3514
Eucgr.J00982.1	0.001903	-9.0372	0.047692	1.3215
Eucgr.H02913.2	0.039003	-4.6803	0.04872	1.3123