



UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS
DEPARTAMENTO DE BIOQUÍMICA E BIOLOGIA MOLECULAR
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOQUÍMICA

KÁTIA DANIELLA DA CRUZ SARAIVA

**RESPOSTAS MOLECULARES E FISIOLÓGICAS ENVOLVIDAS COM
TOLERÂNCIA A ESTRESSES ISOLADOS E COMBINADOS DE SALINIDADE E
TEMPERATURA ELEVADA EM DOIS GENÓTIPOS DE *Sorghum bicolor* (L.)
Moench**

FORTALEZA

2017

KÁTIA DANIELLA DA CRUZ SARAIVA

RESPOSTAS MOLECULARES E FISIOLÓGICAS ENVOLVIDAS COM
TOLERÂNCIA A ESTRESSES ISOLADOS E COMBINADOS DE SALINIDADE E
TEMPERATURA ELEVADA EM DOIS GENÓTIPOS DE *Sorghum bicolor* (L.)
Moench

Tese apresentada ao programa de Pós-Graduação em Bioquímica da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial à obtenção do título de doutor em Bioquímica. Área de concentração: Ciências Biológicas II.

Orientador: Prof. José Hélio Costa, PhD.

FORTALEZA

2017

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
Universidade Federal do Ceará
Biblioteca Universitária

Gerada automaticamente pelo módulo Catalog, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

- S246r Saraiva, Kátia Daniella da Cruz.
Respostas moleculares e fisiológicas envolvidas com tolerância a estresses isolados e combinados de salinidade e temperatura elevada em dois genótipos de *Sorghum bicolor* (L.) Moench / Kátia Daniella da Cruz Saraiva. – 2017.
380 f. : il. color.
- Tese (doutorado) – Universidade Federal do Ceará, Centro de Ciências, Programa de Pós-graduação em Engenharia Civil, Fortaleza, 2017.
Orientação: Prof. Dr. José Hélio Costa.
1. Altas temperaturas. 2. estresse combinado. 3. estresse salino. 4. transcriptoma. 5. sorgo. I. Título.

CDD 600

KÁTIA DANIELLA DA CRUZ SARAIVA

RESPOSTAS MOLECULARES E FISIOLÓGICAS ENVOLVIDAS COM
TOLERÂNCIA A ESTRESSES ISOLADOS E COMBINADOS DE SALINIDADE E
TEMPERATURA ELEVADA EM DOIS GENÓTIPOS DE *Sorghum bicolor* (L.)
Moench

Tese apresentada ao programa de Pós-Graduação em Bioquímica da Universidade Federal do Ceará, como requisito parcial à obtenção do título de doutor em Bioquímica. Área de concentração: Ciências Biológicas II.

Aprovada em: 30/08/2017

BANCA EXAMINADORA

Prof. Dr. José Hélio Costa (Orientador)
Universidade Federal do Ceará (UFC)

Prof. Dr. Joaquim Albenísio Gomes da Silveira
Universidade Federal do Ceará (UFC)

Dr. Rafael de Souza Miranda
Universidade Federal do Ceará (UFC)

Prof. Dr. Enéas Gomes Filho
Universidade Federal do Ceará (UFC)

Dr. Daniel Ferreira Feijó
Instituto Gonçalo Moniz -FIOCRUZ-BA

À minha família, que sempre apoiou e incentivou meus estudos, não medindo esforços para a realização dos meus objetivos (Dedico).

Ao meu amado esposo, Cicero Alisson dos Santos, por ser companheiro e estar presente em todos os momentos (ofereço).

AGRADECIMENTOS

Nenhuma obra é fruto do trabalho individual. Por isso agradeço a todos que participaram direta ou indiretamente da realização deste trabalho, pois sem estas pessoas, este trabalho não se tornaria realidade.

Meus sinceros agradecimentos

À **Deus**, pois, sem sua benção, nada teria sido possível;

À **minha família**, pelo amor incondicional e apoio em todos os momentos da minha vida acadêmica e pessoal;

Ao meu orientador, **Prof. Dr José Hélio Costa**, por todo o apoio, ensinamentos e confiança;

Ao **Prof. Dr. Joaquim Albenísio Gomes Silveira**, pela participação na banca orientação e apoio;

Ao **Prof. Dr. Márcio de Oliveira Martins**, pela ajuda durante todo o período de experimento e escrita da tese. Foi sem dúvida indispensável para a realização deste projeto.

Ao **Dr. Rafael de Souza Miranda**, pela ajuda durante o período de experimento, escrita da tese e participação na banca de avaliação. Sua ajuda foi indispensável em todas as etapas desta jornada;

Ao **Dr. Daniel Ferreira Feijó**, por aceitar participar da banca e pelas valiosas contribuições;

Ao **Prof. Dr. Enéas Gomes Filho**, pela participação na banca e pelas inúmeras contribuições para a realização deste trabalho;

Ao Bioinformata, **Antônio Edson**, pela excepcional ajuda no trabalho, por sempre estar disposto a ensinar, pelo incentivo e apoio.

Aos bolsistas de iniciação científica, (Thais, Carol, Janaina, Renata, Sarah, Antônio e Rodrigo) que ajudaram de forma direta na realização dos experimentos que compõem essa Tese.

A todos os colegas do Laboratório de Genômica Funcional e Bioinformática, (Pedro, Nila, Deborah, Camila, Joanna, Mathias, Michelle, Thais, Raquel, Fernanda, Moacíria, Lyndefânia, André, Karine e Edson) pela acolhida, apoio, ajuda nos experimentos e paciência (muita!!!) no decorrer do período de titulação;

À minha colega de bancada, amiga e companheira, **Beatriz de Sousa e Lima**, por toda a ajuda, conselhos e paciência em todas as etapas da construção dessa tese;

Ao colega, **Clesivan Pereira dos Santos**, pela ajuda em todos os momentos durante o período de titulação;

Aos integrantes do Laboratório de Fisiologia Vegetal (LabFive) e do Laboratório de Metabolismo e Estresse de Plantas;

Aos colegas de trabalho e alunos do IFPB - Campus Princesa Isabel, pelo companheirismo e ajuda nos momentos finais do doutorado.

Ao meu amado marido, **Cicero Alisson dos Santos**, não há palavras suficientes para expressar meu profundo amor, respeito e gratidão. Agradeço pelo seu amor, apoio, encorajamento, companheirismo e persistência ao longo desses fantásticos anos.

Enfim, a todos que contribuíram de forma direta ou indireta para a realização deste trabalho.

AGRADECIMENTOS INSTITUCIONAIS

Os procedimentos experimentais que compõem esta tese foram realizados com o apoio dos seguintes Programas/Instituições:

UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ - através das atividades de capacitação no ensino e pesquisa em Bioquímica. **Laboratório de Genômica Funcional e Bioinformática**, onde os procedimentos experimentais foram realizados, sob a coordenação e orientação do professor Dr. José Hélio Costa;

CONSELHO NACIONAL DE DESENVOLVIMENTO CIENTÍFICO E TECNOLÓGICO (CNPq) - através da concessão de bolsa de doutorado e de fomentos à pesquisa;

INSTITUTO NACIONAL DE CIÊNCIA E TECNOLOGIA EM SALINIDADE - INCT-Sal- através do apoio financeiro para o sequenciamento de RNA, o qual foi de suma importância para a realização deste projeto.

“O aprendizado nunca termina. Não existe parte da vida que não possua lições. Se você está vivo existem lições a aprender.”
(Autor desconhecido).

RESUMO

Os estresses abióticos constituem um desafio severo para a produtividade agrícola, especialmente nas regiões áridas e semiáridas, as quais estão frequentemente expostas à salinidade, seca e altas temperaturas. Para contornar esse problema, estudos voltados para a identificação de mecanismos de tolerância ao estresse, bem como de genótipos com elevada capacidade de crescer sob condições estressantes têm se tornado cada vez mais relevantes. Essa pesquisa foi desenvolvida para identificar mecanismos moleculares, bioquímicos e fisiológicos envolvidos na aclimação de plantas de sorgo (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) aos estresses isolados e combinados de salinidade e temperatura elevada. Ensaio transcriptômicos (via sequenciamento de RNA – RNA-seq), fisiológicos e bioquímicos foram confrontados para identificar respostas de tolerância aos estresses abióticos, utilizando como modelo experimental plantas de dois genótipos de sorgo forrageiro dotados de tolerância diferencial ao estresse salino, CSF20 (tolerante) e CSF18 (sensível). Os dados demonstraram claramente que plantas CSF20 apresentaram melhores respostas frente aos estresses isolados de temperatura elevada e salinidade; ao passo que, sob estresse combinado, esse fenômeno foi observado nas plantas CSF18. Sob salinidade, o melhor desempenho fotossintético das plantas CSF20 foi evidenciado pela alta eficiência fotoquímica do PSII ($\uparrow \Delta F/F_m'$, $\uparrow ETR$ e $\uparrow q_p$) e de carboxilação da Rubisco, e pelos maiores teores de pigmentos fotossintéticos. Tais respostas foram acompanhadas por incrementos na expressão de genes que codificam para a síntese de clorofilas (*HEMA1*) e metabolismo do carbono (por exemplo, os genes *RBCS1A* e *RCBL* da Rubisco). Plantas CSF20 também restringiram o acúmulo excessivo de Na^+ no citosol das folhas, provavelmente por mecanismos de compartimentação desse íon nos vacúolos, pois houve maior expressão do gene *NHX2* nos tecidos fotossintetizantes. Associado a isso, as enzimas **CAT** e **GPOD** foram ativadas consideravelmente sob condições de estresse, uma resposta correlacionada com a modulação positiva dos genes que codificam e sinalizam compostos antioxidantes (*NOA1*, *MPK1*, *CHS* e genes das vias de biossíntese de carotenoides). Como resultado, houve menor dano oxidativo as membranas ($\downarrow MDA$ e $\downarrow VE$) e maior acúmulo de biomassa após 12 dias de salinidade. Nesse genótipo, os genes relacionados à sinalização via ABA,

H_2O_2 , *RBOHD*, *CIPK* e inúmeros fatores de transcrição (FTs) podem ter participado da rede intrincada de respostas que resultou na maior tolerância ao estresse salino. Contrariamente, a maior sensibilidade das plantas CSF18 ao estresse salino foi atribuída a menor eficiência do aparato fotossintético, evidenciada pelas maiores reduções nos parâmetros de **A**, $\Delta F/F_m'$, **ETR** e q_p . A menor eficiência fotoquímica do PSII pode ter promovido um acúmulo excessivo de EROs, que resultou em danos oxidativos às membranas celulares, principalmente no aparato fotossintético, incluindo degradação da clorofila e de carotenoides. Na tentativa de reparar os danos estruturais à cadeia de transporte de elétrons (CTE) dos cloroplastos, plantas CSF18 ativaram a expressão de inúmeros genes relacionados à reestruturação/reparo dos fotossistemas I e II (PSI e PSII); contudo, esse mecanismo parece não ter sido suficiente para mitigar os danos ao aparato fotossintético, pois as taxas de assimilação de CO_2 foram drasticamente reduzidas e houve um maior indicativo de dreno alternativo de elétrons (\uparrow **ETR/A**). Além disso, plantas do genótipo sensível à salinidade também ativaram mecanismos para controlar o acúmulo de Na^+ , provavelmente pela recirculação desse íon através dos transportadores HKT, uma vez que o gene *HKT1* foi super expresso sob estresse; entretanto, esse mecanismo não foi eficiente para evitar o acúmulo de Na^+ em níveis tóxicos nos tecidos foliares. Quando as plantas foram submetidas ao estresse térmico (temperatura elevada), as taxas de assimilação de CO_2 de ambos os genótipos foram aumentadas ou inalteradas em relação ao controle, durante todo o período de tempo analisado (12 e 24 h de estresse); no entanto, as maiores taxas fotossintéticas sob estresse foram registradas nas plantas CSF20. Essa resposta foi atribuída a alta eficiência fotoquímica do PSII (\uparrow $\Delta F/F_m'$, \uparrow **ETR** e \uparrow q_p) e acompanhada do aumento na expressão de genes envolvidos com o metabolismo do carbono e aminoácidos. Adicionalmente, plantas CSF20 ativaram um arsenal de mecanismos para atenuar os danos oxidativos e modular respostas de tolerância ao estresse, incluindo: (i.) regulação funcional (\uparrow **CAT** e \uparrow **GPOD**) e transcricional (*CAT1*, *CAT2*, *PER17*, outras *peroxidases*, ciclo ascorbato/glutaciona, carotenoides, poliaminas, *P5CS2* e *TRX-M4*) de antioxidantes enzimáticos e não enzimáticos; (ii.) expressão de genes que codificam chaperonas e proteínas do choque térmico (HSPs); e (iii.) ativação de vias de sinalização envolvendo H_2O_2 , MAPK (*MKK2*, *MKK6*), *RBOHE* e diversos FTs (*WRKYs*). Por outro lado, embora as taxas

fotossintéticas das plantas CSF18 tenham sofrido pouca ou nenhuma alteração pelo estresse, observou-se alta degradação de pigmentos fotossintéticos e danos oxidativos às membranas celulares; bem como genes relacionados à reestruturação/reparo do PSI e PSII tiveram a expressão aumentada sob condições de altas temperaturas, um indicativo de sensibilidade ao excesso de calor. Tal mecanismo de reestruturação parece ter revertido, pelo menos em parte, os efeitos deletérios do estresse térmico sobre a maquinaria fotossintética, pois a eficiência fotoquímica do PSII permaneceu quase que inalterada. Resultados interessantes foram observados sob estresse combinado, pois a aplicação da temperatura elevada parece ter intensificado os efeitos nocivos do estresse salino, porém, com maior magnitude nas plantas CSF20. Nesse grupo de plantas, as reduções drásticas nas taxas de assimilação de CO₂ foram decorrentes de fatores estomáticos e não estomáticos, envolvendo: (i.) degradação dos pigmentos fotossintéticos e, conseqüentemente, do PSI e PSII, evidenciada pelo aumento massivo na expressão de genes estruturais dos fotossistemas e metabolismo da clorofila; (ii.) aumento do transporte de Na⁺ via fluxo transpiratório e acúmulo excessivo dele nas folhas; e (iii.) ativação de um grande número de genes de vias de biossíntese e outros processos metabólicos (metabolismo do carbono, amido, sacarose e aminoácidos) que, provavelmente, exauriram as reservas de NADPH e ATP. Contudo, a ativação massiva de rotas de sinalização e de biossíntese não resultou em respostas efetivas para mitigar os efeitos deletérios do estresse combinado de salinidade e temperatura elevada. Assim, plantas CSF20 sinalizaram para a transição da fase vegetativa para a reprodutiva (aumentaram a expressão de genes *TPR*, *ABH1*, *Vps51/Vps67*, *AGL2* e *REV1*) e ativaram genes de senescência (*SAG20*, dentre outros). De modo contrário, a melhor aclimação das plantas CSF18 ao estresse combinado, em relação às plantas CSF20, foi correlacionada com a maior eficiência do aparato fotossintético ($\uparrow A$, $\uparrow \Delta F/F_m'$ e $\uparrow ETR$) e com a ativação de mecanismos eficientes para reduzir a produção de EROs e danos oxidativos, principalmente pela dissipação não fotoquímica de elétrons fotossintéticos ($\uparrow NPQ$ e $\downarrow ETR/A$) e enzimas antioxidantes ($\uparrow APX$ e $\uparrow CAT$). Esse fenômeno foi acompanhado pelo aumento na expressão de genes que codificam moléculas envolvidas na dissipação de energia (genes *NPQ1* e *ZEP*) e no sistema de defesa antioxidante (*APX4*, *CAT1*, *CAT2*, *C4H*, *CAD*, *CRT1* e *peroxidases*). Todas essas respostas foram resultado de

modulações específicas em vias de sinalização (*RBOHD*, *MKK6* e *MPK20*), FTs (genes *WRKYs*) e em processos determinantes para aclimação ao estresse combinado, tais como no ajustamento osmótico (genes *P5CS2* e *TPS6*) e outros (gene *E3 SUMO-protein ligase*). Os dados evidenciam claramente que a tolerância/susceptibilidade de plantas de sorgo à salinidade e temperatura elevada varia amplamente, dependendo do genótipo e da interação entre os estresses. Em todos os casos, as respostas aos estresses estudados são multifatoriais e a eficiência da maquinaria fotossintética constitui um fator determinante para a aclimação das plantas a condições adversas. Por fim, são indicados genes candidatos para utilização em programas de melhoramento genético de plantas visando à tolerância aos estresses abióticos isolados e combinados.

Palavras-chave: Altas temperaturas. estresse combinado. estresse salino. transcriptoma.Sorgo.

ABSTRACT

Abiotic stresses represent a grave challenge for agricultural productivity, especially in arid and semi-arid regions, which are often exposed to salinity, drought and high temperatures. In order to overcome this issue, studies focused on the identification of stress tolerance mechanisms and genotypes with high capability of growing under stressful conditions have become more and more significant. This research was developed in order to identify molecular, biochemical and physiological mechanisms involved in the acclimatization of sorghum (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) plants to salinity and high temperature, isolated or combined. Transcriptomical, physiological and biochemical essays were performed in order to identify responses of tolerance to the abiotic stresses, utilizing two genotypes of sorghum with differential tolerance to salt stress as experimental model: CSF20 (tolerant) and CSF18 (sensitive). Data showed clearly that CSF20 plants exhibited better responses to the isolated stresses of high temperature and salinity, whereas, under the combination of stresses, this result was observed in CSF18 plants. Under salinity, a better photosynthetic performance of CSF20 plants was emphasized by a high PSII photochemical efficiency ($\uparrow\Delta F/F_m'$, $\uparrow ETR$ and $\uparrow q_p$), by the carboxylation of Rubisco and by greater photosynthetic pigments contents. Such responses were followed by increases in the expression of genes that codify enzymes related to chlorophyll biosynthesis (*HEMA1*) and carbon metabolism (for instance, Rubisco genes *RBCS1A* and *RBCL*). CSF20 plants also restricted excessive accumulation of Na^+ ions in cytosol of leaf cells, probably due to mechanisms of compartmentalization of this ion into the vacuoles, because there was a higher expression of *NHX2* gene in photosynthetic tissues. Allied to that, **GPOD** and **CAT** enzymes were considerably activated under stressful conditions, a response correlated with a positive modulation of genes that codify and signal antioxidant compounds (*NOA1*, *MPK1*, *CHS* and genes of the carotenoid biosynthetic pathway). As a result, it was observed a minor oxidative damage to membranes ($\downarrow MDA$ e $\downarrow VE$) and higher biomass accumulation after 12 days of salinity. In this genotype, genes related to ABA and H_2O_2 signaling, *RBOHD*, *CIPK* and several transcription factors (TFs) might have participated in the complex network of responses that led to a higher tolerance to salt stress. In contrast, a higher sensibility of CSF18 plants to salt stress was assigned to a lower efficiency of the photosynthetic apparatus, highlighted by the greatest inhibitions in **A**, $\Delta F/F_m'$, **ETR**

and q_p parameters. A lower PSII photochemical efficiency might have promoted an excessive accumulation of ROS, which caused oxidative damage to cell membranes, especially in the photosynthetic apparatus, including degradation of chlorophyll and carotenoids. In order to repair structural damages to chloroplasts electron transport chain, CSF18 plants activated the expression of several genes related to photosystems I and II (PSI and PSII) repair/reconstruction; However, this mechanism did not seem to be sufficient to mitigate damages to the photosynthetic apparatus, as CO_2 assimilation rates were drastically inhibited, and a greater alternative electron drainage ($\uparrow\text{ETR/A}$) was noted. Moreover, plants of the salt-sensitive genotype also activated mechanisms to control Na^+ accumulation, perhaps by the recirculation of this ion through HKT transporters, once *HKT1* gene was overexpressed under stress; yet, this mechanism was not efficient to prevent Na^+ accumulation at toxic levels in leaf tissues. When plants were submitted to heat stress (high temperature), CO_2 assimilation rates of both genotypes were increased or unaltered in comparison to the control treatment during the whole assessed period (12 and 24 h of stress); however, higher photosynthetic rates under stress were found in CSF20 plants. This response was related to a high PSII photochemical efficiency ($\uparrow\Delta F/F_m'$, $\uparrow\text{ETR}$ and $\uparrow q_p$), and coupled with an increase in the expression of genes associated with carbon and amino acid metabolism. In addition, CSF20 plants activated an array of mechanisms in order to alleviate oxidative damage and to modulate stress tolerance responses, including: (i.) transcriptional (*CAT1*, *CAT2*, *PER17*, other *peroxidases*, ascorbate/glutathione cycle, carotenoids, polyamines, *P5CS2* and *TRX-M4*) and functional ($\uparrow\text{CAT}$ and $\uparrow\text{GPOD}$) regulation; (ii.) expression of genes that codify chaperones and heat stress proteins (HSPs); and (iii.) activation of signaling pathways involving H_2O_2 , MAPK (*MKK2*, *MKK6*), *RBOHE* and various TFs (*WRKYs*). On the other hand, although photosynthetic rates of CSF18 plant underwent little or no alteration by the stress, it was observed high degradation of photosynthetic pigments and oxidative damage to cell membranes; at the same time, genes related to reconstruction/repair of PSI and PSII had their expression augmented under high temperatures, a sign of sensitivity to excessive heat. Such reconstruction mechanism seemed to have reverted, at least in part, the deleterious effects of heat stress on the photosynthetic machinery, for the photochemical efficiency of PSII remained almost unaltered. Curious results were noted under combined stress, as the application of

high temperature apparently increased the harmful effects of salt stress, but with higher intensity in CSF20 plants. In this group of plants, severe reductions in CO₂ assimilation rate arose from stomatal and non-stomatal factors, such as: (i.) degradation of photosynthetic pigments, and hence of PSI and PSII, highlighted by a massive increase in the expression of genes related to photosystem structure and chlorophyll metabolism; (ii.) increase of Na⁺ transport via transpiration flow and an excessive Na⁺ accumulation in leaves; and (iii.) activation of a large number of genes related to biosynthetic pathways and other metabolic processes (carbon metabolism, starch, sucrose and amino acids) which, probably depleted NADPH and ATP supplies. Nevertheless, the massive activation of signaling and biosynthesis pathways did not result in efficient responses to lessen the deleterious effects of the combination of salinity and high temperature. Thus, CSF20 plants signaled to the transition from vegetative phase to reproductive phase (increased expressions of *TPR*, *ABH1*, *Vps51/Vps67*, *AGL2* and *REV1* genes) and activated senescence genes. (*SAG20*, among others). Conversely, a better acclimatization of CSF18 plants to combined stress, in comparison to CSF20 plants, was correlated with a higher efficiency of the photosynthetic apparatus ($\uparrow\text{CO}_2$, $\uparrow\Delta F/F_m'$ and $\uparrow\text{ETR}$) and with the activation of efficient mechanisms for reducing ROS production and oxidative damage, mainly by the non-photochemical dissipation of photosynthetic electrons ($\uparrow\text{NPQ}$ and $\downarrow\text{ETR/A}$) and antioxidant enzymes ($\uparrow\text{APX}$ and $\uparrow\text{CAT}$). This phenomenon was followed by an increase in the expression of genes that codify molecules involved in energy dissipation (*NPQ1* and *ZEP* genes) and in the antioxidant defense system (*APX4*, *CAT1*, *CAT2*, *C4H*, *CAD*, *CRT1* and *peroxidases*). All these responses were results of specific modulations in signaling pathways (*RBOHD*, *MKK6* and *MPK20*), TFs (*WRKY* genes) and decisive processes for the acclimatization to the combined stress, as well as the osmotic adjustment (*P5CS2* and *TPS6* genes) and others (*E3 SUMO-protein ligase* genes). These data clearly emphasize that tolerance/susceptibility of sorghum plants to salinity and high temperature vary widely, depending on the genotype and on the interaction between the stresses. In all cases, the responses to the stresses here studied are multifactorial, and the efficiency of the photosynthetic machinery represents a crucial factor for the acclimatization of plants to adverse conditions. Lastly, genes suitable

for utilization in plant breeding programs are indicated, aiming for tolerance to isolated and combined abiotic stresses.

Keywords: High temperature. combined stress. salt stress. transcriptome. Sorghum.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1	Teores de K^+ , Na^+ e fotossíntese líquida em folhas de <i>Sorghum bicolor</i> , genótipos CSF18 (sensível à salinidade) e CSF20 (tolerante à salinidade).....	72
Figura 2	Aspecto visual de plantas de <i>Sorghum bicolor</i> , genótipos CSF18 (sensível à salinidade) e CSF20 (tolerante à salinidade), após 12 dias de cultivo na ausência (Controle) e presença de NaCl a 100 mM.....	74
Figura 3	Massa seca da parte aérea (MSPA), raiz (MSR) e total (MST) de plantas de <i>Sorghum bicolor</i> , genótipos CSF18 (sensível à salinidade) e CSF20 (tolerante à salinidade).....	75
Figura 4	Taxas de fotossíntese líquida (A), transpiração (E) e condutância estomática (g_s), eficiência de carboxilação da Rubisco (A/Ci) e concentração interna de CO_2 (Ci) de plantas de <i>Sorghum bicolor</i> , genótipos CSF18 e CSF20.....	76
Figura 5	Eficiência quântica efetiva ($\Delta F/F_m'$) e máxima do PSII (Fv/F_m), dissipação fotoquímica (qP) e não fotquímica (NPQ), taxa de transporte de elétrons (ETR) e indicativo de dreno alternativo de elétrons (ETR/A) de plantas de <i>Sorghum bicolor</i> , genótipos CSF18 e CSF20.....	80
Figura 6	Teores de clorofila a (Clf a), b (Clf b), total (Clf total) e de carotenoides de plantas de <i>Sorghum bicolor</i> , genótipos CSF18 e CSF20.....	82
Figura 7	Teor relativo de água (TRA), eficiência intrínseca do uso da água (A/g_s) e temperatura foliar (TF) de plantas de <i>Sorghum bicolor</i> , genótipos CSF18 e CSF20.....	83
Figura 8	Teores de K^+ foliar, teores de Na^+ foliar e relação K^+/Na^+ de plantas de <i>Sorghum bicolor</i> , genótipos CSF18 e CSF20.....	85
Figura 9	Dano de membrana em plantas de sorgo. Teores de malondialdeído (MDA) e vazamento de eletrólitos (VE) de plantas de <i>Sorghum bicolor</i> , genótipos CSF18 e CSF20.....	86
Figura 10	Atividade das enzimas Catalase (CAT), peroxidase do ascorbato (APX), Peroxidase do guaiacol (GPOD) e dismutase do superóxido (SOD) de plantas de <i>Sorghum bicolor</i> , genótipos CSF18 e	88

	CSF20.....	
Figura 11	Detalhes das bibliotecas de RNA de folhas de plantas de <i>Sorghum bicolor</i> , genótipos CSF18 e CSF20, sob diferentes tratamentos de estresses abióticos: controle (CONT), estresse salino (SAL), temperatura elevada (TE) e estresse salino + temperatura elevada (COMB).....	91
Figura 12	MA plots resultantes da comparação entre o logaritmo de contagem por milhão (logCPM) e o logaritmo de <i>fold change</i> (logFC) dos genes diferencialmente expressos (GDEs) nas folhas das plantas de sorgo do genótipo CSF20.....	93
Figura 13	MA plots resultantes da comparação entre o logaritmo de contagem por milhão (logCPM) e o logaritmo de <i>fold change</i> (logFC) dos genes diferencialmente expressos (GDEs) nas folhas das plantas de sorgo do genótipo CSF18.....	94
Figura 14	MA plots resultantes da comparação entre o logaritmo de contagem por milhão (logCPM) e o logaritmo de <i>fold change</i> (logFC) dos genes diferencialmente expressos (GDEs) nas folhas das plantas de sorgo do genótipo CSF20 x CSF18.....	95
Figura 15	Diagramas de Venn, de plantas de <i>Sorghum bicolor</i> (genótipos CSF20 e CSF18), mostrando a distribuição dos GDEs em cada comparação.....	97
Figura 16	Diagramas de Venn, de plantas de <i>Sorghum bicolor</i> (genótipos CSF20 x CSF18), mostrando a distribuição de GDEs induzidos/reprimidos em cada comparação.....	99
Figura 17	Classificação dos genes diferencialmente expressos (GDEs) em categorias ontológicas (GO). Montante de GDEs regulados positivamente e negativamente pelo estresse salino no genótipo CSF20 (SAL20), em comparação ao controle (CONT20).....	103
Figura 18	Classificação dos genes diferencialmente expressos (GDEs) em categorias ontológicas (GO). Montante de GDEs regulados positivamente e negativamente pelo estresse salino no genótipo CSF18 (SAL18), em comparação ao controle (CONT18).....	104
Figura 19	Categorização ontológica (GO) dos genes diferencialmente expressos (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipos	106

	CSF20 e CSF18, sob condições de estresse salino.....	
Figura 20	Genes da via de transdução de sinais do ABA expressos diferencialmente (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipos CSF20 e 18, em resposta ao estresse salino.....	107
Figura 21	Genes das vias de metabolismo do carbono expressos diferencialmente (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipos CSF20 e CSF18, em resposta ao estresse salino.....	108
Figura 22	Genes estruturais dos fotossistemas I e II, expressos diferencialmente (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipo CSF18, em resposta ao estresse salino.....	109
Figura 23	Classificação dos genes diferencialmente expressos (GDEs) em categorias ontológicas (GO). Montante de GDEs regulados positivamente e negativamente pela temperatura elevada no genótipo CSF20 (TE20), em comparação ao controle (CONT20)....	118
Figura 24	Classificação dos genes diferencialmente expressos (GDEs) em categorias ontológicas (GO). Montante de GDEs regulados positivamente e negativamente pela temperatura elevada no genótipo CSF18 (TE18), em comparação ao controle (CONT18)....	120
Figura 25	Categorização ontológica (GO) dos genes diferencialmente expressos (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipos CSF20 e CSF18, sob condições de temperatura elevada.....	124
Figura 26	Genes estruturais do fotossistema II (PSII), expressos diferencialmente (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipo CSF18, em resposta ao estresse por temperatura elevada.....	125
Figura 27	Genes da via de biossíntese de carotenoides expressos diferencialmente (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipo CSF20, em resposta à temperatura elevada.....	126
Figura 28	Genes das vias de biossíntese de aminoácidos expressos diferencialmente (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipo CSF20, em resposta à temperatura elevada.....	127
Figura 29	Genes da via de sinalização da MAPK expressos	128

	diferencialmente (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipo CSF20, em resposta à temperatura elevada.....	
Figura 30	Genes das vias de metabolismo de carbono expressos diferencialmente (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipo CSF20, em resposta à temperatura elevada.....	129
Figura 31	Classificação dos genes diferencialmente expressos (GDEs) em categorias ontológicas (GO). Montante de GDEs regulados positivamente e negativamente pelo estresse combinado no genótipo CSF20 (COMB20), em comparação ao controle (CONT20).....	139
Figura 32	Categorização ontológica (GO) dos genes diferencialmente expressos (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipo CSF20. Número/categorização de genes com maiores valores de expressão na condição de estresse combinado (COMB20) e salino (SAL20).....	140
Figura 33	Categorização ontológica (GO) dos genes diferencialmente expressos (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipo CSF20. Número/categorização de genes com maiores valores de expressão na condição de estresse combinado (COMB20) e de temperatura elevada (TE20).....	141
Figura 34	Classificação dos genes diferencialmente expressos (GDEs) em categorias ontológicas (GO). Montante de GDEs regulados positivamente e negativamente pelo estresse combinado no genótipo CSF18 (COMB18), em comparação ao controle (CONT18).....	143
Figura 35	Categorização ontológica (GO) dos genes diferencialmente expressos (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipo CSF18. Número/categorização de genes com maiores valores de expressão na condição de estresse combinado (COMB18) e salino (SAL18).....	145
Figura 36	Categorização ontológica (GO) dos genes diferencialmente expressos (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipo CSF18. Número/categorização de genes com maiores valores de expressão na condição de estresse combinado (COMB18) e de temperatura elevada (TE18).....	146
Figura 37	Categorização ontológica (GO) dos genes diferencialmente expressos (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipos CSF20 e CSF18, submetidos ao estresse combinado de salinidade e temperatura elevada	149

(COMB).....

Figura 38	Genes estruturais dos fotossistemas I e II, expressos diferencialmente (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipo CSF20, em resposta ao estresse combinado de salinidade e temperatura elevada.....	151
Figura 39	Genes das vias de metabolismo da clorofila expressos diferencialmente (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipo CSF20, em resposta ao estresse combinado de salinidade e temperatura elevada.....	152
Figura 40	Genes das vias de metabolismo do carbono expressos diferencialmente (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipo CSF20, em resposta ao estresse combinado de salinidade e temperatura elevada.....	153
Figura 41	Genes das vias de metabolismo de amido e sacarose expressos diferencialmente (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipo CSF20, em resposta ao estresse combinado de salinidade e temperatura elevada.....	154
Figura 42	Genes das vias de biossíntese de aminoácidos expressos diferencialmente (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipo CSF20, em resposta ao estresse combinado de salinidade e temperatura elevada.....	155
Figura 43	Genes das vias de sinalização da MAPK expressos diferencialmente (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipo CSF18, em resposta ao estresse combinado de salinidade e temperatura elevada.....	156
Figura 44	Genes das vias de biossíntese de fenilpropanóides expressos diferencialmente (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipos CSF20 e 18, em resposta ao estresse combinado de salinidade e temperatura elevada.....	157
Figura 45	Análise da integridade do RNA total em gel de agarose (1,5 %)......	168
Figura 46	Eletroforese em gel de agarose (2 %) dos produtos de amplificação, via PCR semi – quantitativa, do gene do <i>fator de alongação 1 beta 2 (EF1β 2)</i> para avaliação da qualidade do cDNA.....	169
Figura 47	Estabilidade de expressão dos 7 candidatos a genes de referência, considerando os dois genótipos de <i>Sorghum bicolor</i> e as diferentes condições experimentais: Controle (CONT), NaCl (SAL), temperatura elevada (TE) e na combinação de NaCl +	170

	Temperatura elevada (COMB).....	
Figura 48	Análise de correlação do perfil de expressão dos genes <i>CRT1</i> , <i>CAT1</i> , <i>DEAD-box</i> , <i>HSP23.6-MITO</i> , <i>MKK2</i> , <i>MDHAR</i> , <i>PYL4</i> , <i>RBCS1A</i> , <i>WRKY60</i> e <i>bZIP</i> via PCR em tempo real (qPCR, azul) e sequenciamento de RNA (RNA-seq, laranja).....	172
Figura 49	Modelo proposto para as respostas de plantas de dois genótipos de sorgo (<i>Sorghum bicolor</i> (L.) moench) ao estresse salino, genótipos CSF20 e CSF18.....	183
Figura 50	Modelo proposto para as respostas de plantas de dois genótipos de sorgo (<i>Sorghum bicolor</i> (L.) moench) ao tratamento com temperatura elevada, genótipos CSF20 e CSF18.....	190
Figura 51	Modelo proposto para as respostas de plantas de dois genótipos de sorgo (<i>Sorghum bicolor</i> (L.) moench) ao estresse combinado (salinidade + temperatura elevada), genótipos CSF20 e CSF18.....	199

LISTA DE TABELAS

Tabela 1	Identificação do gene, número de acesso, produto gênico, sequência dos iniciadores, temperatura de anelamento e tamanho do produto amplificado dos genes empregados nas análises de qPCR.....	67
Tabela 2	Total de <i>reads</i> das diferentes bibliotecas de RNA de folhas de plantas de <i>Sorghum bicolor</i> , genótipos CSF18 e CSF20, após 12 h* de submissão a diferentes tratamentos de estresses abióticos..	90
Tabela 3	Número de genes diferencialmente expressos (GDEs) em função dos diferentes tratamentos de estresse abióticos em plantas de sorgo usando como ponto de corte $Log_2 \text{ fold change} \geq 1$ ou ≤ -1 ou $p\text{-value} < 0,05$	92
Tabela 4	Total de genes induzidos/reprimidos nas folhas de plantas de sorgo, genótipos CSF20 e CSF18, em função dos tratamentos de estresse.....	100
Tabela 5	Número de GDEs enriquecidos em cada genótipo e categoria.....	101
Tabela 6	Genes diferencialmente expressos - GDEs ($p\text{-value} < 0,05$) em plantas de dois genótipos de sorgo (CSF20 e CSF18) submetidas ao tratamento com NaCl.....	110
Tabela 7	Genes diferencialmente expressos – GDEs ($p\text{-value} < 0,05$) em plantas de dois genótipos de sorgo (CSF20 e CSF18) submetidas ao tratamento com temperatura elevada.....	130
Tabela 8	Genes diferencialmente expressos – GDEs ($p\text{-value} < 0,05$) em plantas de dois genótipos de sorgo (CSF20 e CSF18) submetidas ao estresse combinado de salinidade e temperatura elevada.....	158
Tabela S1	Genes diferencialmente expressos – GDEs (Up/Down e induzidos/reprimidos) em plantas de sorgo CSF20 submetidas aos tratamentos isolados e combinados de salinidade e temperatura elevada.....	223
Tabela S2	Genes diferencialmente expressos – GDEs (Up/Down e induzidos/reprimidos) em plantas de sorgo CSF18 submetidas	283

aos tratamentos isolados e combinados de salinidade e temperatura elevada.....

Tabela S3 Genes diferencialmente expressos – GDEs (Up/Down e induzidos/reprimidos) em plantas de sorgo CSF20 × CSF18 submetidas aos tratamentos isolados e combinados de salinidade e temperatura elevada.....

LISTA DE ABREVIATURAS

A - Fotossíntese líquida
A/Ci - Eficiência de carboxilação da rubisco
A/g_s - Eficiência intrínseca do uso de água
AAO3 - *Abscisic aldehyde oxidase 3*
AAPT1 - *Aminoalcoholphosphotransferase 1*
AATP1 - *AAA-ATPase 1*
ABA - Ácido abscísico
ABA1 - *ABA deficient 1*
ABF2 - *Abscisic acid responsive elements-binding factor 2*
ABH1 - *ABA hypersensitive 1*
ACO - *Aconitate hydratase*
AGL12 - *Agamous-like 12*
ALDH12A1 - *3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase*
ALDH5F1 - *3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase*
AMHR2 - *Anti-muellerian hormone type-2 receptor*
AMT - *Aminotransferase class I and II*
AOC - *Copper amine oxidase*
AOS - *Allene oxide synthase*
APL2 - *ADPGLC-PPASE large subunit*
APO1 - *Accumulation of photosystem one 1*
APX - *Peroxidase do ascorbato*
AR - *Aminotransferase-related*
ARF6 - *Auxin response factor*
ARR - *Response regulator*
AXR3 - *Auxin resistant 3*
BAM5 - *Beta-amylase 5*
BBH - *Bidirectional best hit.*
BFRUCT - *Beta-fructofuranosidase*
BG - *Glucan endo-1,3-beta-glucosidase*
BLAST - Ferramenta de busca de alinhamento local
C4H - *Cinnamate-4-hydroxylase*

CAD - Cinnamyl alcohol dehydrogenase
CaS - Calcium sensing receptor
CAT - Catalase
CAT8 - Cationic amino acid transporter 8
CC - Componente celular
CCR1 - Cinnamoyl coa reductase 1
cDNA - DNA complementar
CDSP32 - Chloroplastic drought-induced stress protein of 32 KD
CHIB - Basic chitinase
CHLH - Magnesium-chelatase subunit, chloroplast
CHR12 - Probable ATP-dependent DNA helicase CHR12
CHS - Naringenin-chalcone synthase
CHZ1 - Histone H2A.Z-specific chaperone
Ci – Concentração interna de CO₂
CLH1 - Coronatine-induced protein 1; chlorophyllase
CLKR27 - 3-ketoacyl-acyl carrier protein reductase
CM2 - Chorismate mutase 2
CRB - Chloroplast rna binding
CRR23 - Chlororespiratory reduction 23)
CRT1 - Calreticulin 1
CSR1 - Chlorsulfuron/imidazolinone resistant 1); acetolactate synthase
Ct - Ciclo threshold
CTH2 - Chitinase 2 precursor
CTLP - Chloroplast thylakoid lumen protein
CWINV2 - Cell wall invertase 2
CYP - Cytochrome P450
CYP38 - Cyclophilin 38
DAHP -2-dehydro-3-deoxy-phosphoheptonate aldolase
DAS - Dias após a semeadura
DCOH - 4a-hydroxytetrahydrobiopterin dehydratase
DEGP8 - Protease Do-like 8 chloroplastic
DELTA-TIP - Delta tonoplast integral protein
DNase - Desoxirribonuclease

dNTP - Desoxirribonucleotídeo trifosfato
DPE1 - Disproportionating enzyme); 4-alpha-glucanotransferase
DPPD - Dipeptide transport ATP-binding protein
DTX21 - Protein detoxification 21
E - Transpiração
ETR - taxa de transporte de elétrons
ETR/A - Dreno alternativo de elétrons
EXGA - Glucan 1,3-beta-glucosidase A
EXOSCRRP40 - Exosome complex exonuclease RRP40
FBA - Fructose-bisphosphate aldolase
FDPase - Fructose-1,6-bisphosphatase
FED A - 2Fe-2S ferredoxin-like
FKBP13 - Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase
FLP1 - FPF1-like protein 1
FM - Função molecular
FRD3 - Ferric reductase defective 3
FRO7 - Ferric reduction oxidase 7
FUC1- (alpha-L-fucosidase 1); alpha-L-fucosidase
Fv/Fm - Rendimento quântico máximo do PSII
G6PD6 - Glucose-6-phosphate dehydrogenase 6
GA20OX1 - Gibberellin 20-oxidase
GA2OX2 - Gibberellin 2-oxidase
GCN5 - Related N-acetyltransferase (GNAT) family protein
GDEs - Genes diferencialmente expressos
GH - Glycosyl hydrolase Family
GH3 - Glycosyl hydrolase family 3 protein
GLDC - Glycine cleavage system H protein
GLR2.7 - Glutamate receptor 2.7 precursor
GO - Ontologia gênica
GOX - Glycolate oxidase
GPOD - Peroxidase do guaiacol
GPT2 - Glutamic pyruvic transaminase 2
g_s - Condutância estomática

GSR2 - Glutamine synthetase

GSTU18 - Glutathione s-transferase TAU 18

HAB2 - Catalytic/ protein serine/threonine phosphatase

HEMA1 - Glutamyl-tRNA reductase

HEMD - Uroporphyrinogen-III synthase

HKT - High-affinity K⁺ transporter 1

HSP - Heat shock protein

HSP23.6-MITO - Mitochondrion-localized small heat shock protein 23.6)

HST - Homogentisate farnesyltransferase

IAA - Auxin-responsive protein

IFR - Isoflavone reductase

IGPS - Indole-3-glycerol phosphate synthase

ILL6 - IAA-amino acid conjugate hydrolase

ILL6 - IAA-amino acid hydrolase ILR1-like 6

ISA3 - Isoamylase 3

JMT - Jasmonic acid carboxyl methyltransferase

KDR - Kidari

KEGG - Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes

KO - KEGG Orthology

LACS6 - long-chain acyl-CoA synthetase 6

LEA - Late embryogenesis abundant family protein

LHCA4 - Chlorophyll a-b binding protein

LHCB -Light-harvesting chlorophyll b-binding protein

LHCP - Light-harvesting complex proteins

LogFC - log fold change

LOX - Lipoxygenase

LP1 - Calmodulin binding

LPD1 - Lipoamide dehydrogenase 1

LUT2 - Lutein deficient 2

MDA -malondialdeído

MDH - Malate dehydrogenase

MDHAR - Monodehydroascorbate reductase

*MDS - escalonamento multidimensional (do inglês *mutidimensional scaling*)*

MgCl₂ - Cloreto de magnésio
MIF1 - Mini zinc finger 1
MIN7 - Hopm interactor 7
MKK - Map kinase kinase
mM - Milimolar
MPK - Mitogen-activated protein kinase phosphatase
MPK1 - Mitogen-activated protein kinase phosphatase 1
MRP6 - Multidrug resistance protein-6
MTACP-1 - Mitochondrial acyl carrier protein 1
mTERF - Mitochondrial transcription termination factor family protein
NAAT-A - Nicotianamine aminotransferase A
NAMT1 - S-adenosylmethionine-dependent methyltransferase NCBI - Centro nacional de informação biotecnológica
NCED3 - Nine-cis-epoxycarotenoid dioxygenase 3
NDHK - NAD(P)H-quinone oxidoreductase subunit K
NFD4 - Protein nuclear fusion defective 4
Ng - Nanograma
NGS - Sequenciamento de nova geração
NHX2 - Na(+)/H(+) exchanger protein 2
NMT3 - Phosphoethanolamine N-methyltransferase 3
NOA - Óxido nítrico sintetase
NPQ - Dissipação não fotoquímica
NPQ1 - Non-photochemical quenching 1/violaxanthin de-epoxidase
NTRA - NADPH-dependent thioredoxin reductase a
NYE1 - Non-yellowing 1
OCT7 - Organic cation/carnitine transporter 7
OMT - O-methyltransferase
OPCL1 - OPC-8:0 COA ligase1
OPR3 - 12-oxophytodienoate reductase/OPDA-reductase 3)
P5CS - Delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthase
PAO - Polyamine oxidase
PAP1 - Phytochrome-associated protein 1
Pb - Pares de bases

PB - Phenazine biosynthesis PhzC/PhzF family protein
PC - Processo biológico
PDH - Prephenate dehydrogenase family protein
PDK - Pyruvate dehydrogenase kinase
PER - Peroxidase
PGDH - 3-phosphoglycerate dehydrogenase
PGLP1 - 2-Phosphoglycolate phosphatase 1
PGM - Phosphoglucomutase
PHT2;1 - Phosphate transporter 2;1
PIGG - GPI ethanolamine phosphate transferase 2
PIP1;4 - Plasma membrane intrinsic protein 1;4
PIP5K9 - Phosphatidyl inositol monophosphate 5 kinase
PK - Pyruvate kinase
PLA2A - Phospholipase a 2a
PLCA - 1-phosphatidylinositol phosphodiesterase
PLP4 - Patatin-like protein 4
PMSR2 - Peptidomethionine sulfoxide reductase 2
POM1 - Chitinase
POT - Proton-dependent oligopeptide transport
POX - Proline oxidase
PP2C - Protein phosphatase 2C
PPAT - Phosphoribosyl pyrophosphate amidotransferase
PPL1 - PsbP-like protein 1
PRK - Phosphoribulokinase
PSA - Photosystem I subunit
PSB - Photosystem II subunit
PSB28 - Photosystem II reaction center PSB28 protein
PsbB - Photosystem II CP47 reaction center protein
PSY - Phytoene synthase
PTR - Peptide transporter
qP- Dissipação fotoquímica
RBCS1A - Ribulose biphosphate carboxylase small chain 1a
RBOH - Respiratory burst oxidase

RCI2A - Rare-cold-inducible 2A

RCI3 - Rare cold inducible gene 3

Reads - Sequências oriundas do sequenciamento de RNA

REV1 - DNA repair protein REV1/ DNA directed polymerase

RNA-seq - Sequenciamento de RNA

RPL - Ribossomal protein L

RT - PCR - Transcrição reversa seguida da reação em cadeia da DNA polimerase

RT - qPCR - Transcrição reversa seguida da reação em cadeia da DNA polimerase quantitativa

SAG - Senescence associated gene

SAMC1 - S-adenosylmethionine carrier 1

SAUR - Small auxin

SIP2 - seed imbibition 2

SMO1-1 - Sterol-4alpha-methyl oxidase 1-1

SMO2-1 - Sterol 4-alpha-methyl-oxidase 2-1

SnRK2 - calcium-dependent protein serine

SNX2b - Sorting nexin 2b

SOD - Dismutase do superóxido

SOS4 - Salt overly sensitive 4/pyridoxal kinase

SQD2 - Sulfoquinovosyldiacylglycerol 2)

SRK2E - Serine/threonine-protein kinase

SRT11 - Rhodanese-like domain-containing protein 11

SS - Starch synthase, putative

SSI2 - Acyl-[acyl-carrier-protein] desaturase

SUMO - E3-type small ubiquitin-like modifier

Taq - Thermus aquaticus

TBARs -Substâncias reativas ao ácido tiobarbitúrico

TIM9 - Mitochondrial import inner membrane translocase subunit TIM9

Tm - Temperatura de desnaturação

T01 - Thioredoxin O1

Toc64-III - Translocon at the outer membrane of chloroplasts 64-III

TPR - Tetratricopeptide repeat

TRA - Teor relativo de água

TRX-M4 - Thioredoxin M-Type 4

TT7 - Transparent testa 7/flavonoid 3'-monooxygenase/ oxygen binding.

TY1 - Thioredoxin y1

U - Unidades

Vps51/Vps67 family - Components of vesicular transport

WRKY - Fator de transcrição

ZEP - Zeaxanthin epoxidase

$\Delta F/F_m'$ - Rendimento quântico efetivo do PSII

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO.....	34
2	FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA.....	37
2.1	Aspectos gerais da cultura do sorgo (<i>Sorghum bicolor</i> (L.) Moench).....	37
2.2	Estresse salino.....	38
2.2.1	<i>Aspectos gerais do estresse salino.....</i>	38
2.2.2	<i>Mecanismos de tolerância ao estresse salino.....</i>	39
2.2.2.1	<i>Homeostase osmótica e iônica.....</i>	39
2.2.2.2	<i>Sistema antioxidante.....</i>	41
2.2.2.3	<i>Vias de sinalização e fatores de transcrição.....</i>	41
2.3	Temperatura elevada.....	43
2.3.1	<i>Aspectos gerais da temperatura elevada.....</i>	43
2.3.2	<i>Mecanismos de tolerância ao estresse por temperatura elevada.....</i>	44
2.3.2.1	<i>EROs e HSPs e seus papéis na aclimação à temperatura elevada.....</i>	44
2.3.2.2	<i>Osmólitos compatíveis.....</i>	45
2.3.2.3	<i>Via de sinalização da MAPK.....</i>	46
2.4	Respostas das plantas a estresses combinados.....	46
2.4.1	<i>Aspectos gerais dos estresses combinados.....</i>	46
2.4.2	<i>Efeitos da combinação da salinidade e temperatura elevada.....</i>	48
2.5	Genômica funcional.....	50
2.5.1	<i>Novas tecnologias de sequenciamento de DNA\RNA.....</i>	50
2.6	Análise transcriptômica.....	51
3	HIPÓTESE.....	54
4	OBJETIVOS.....	54
4.1	Objetivo Geral.....	54
4.2	Objetivos Específicos.....	54
5	ESTRATÉGIA EXPERIMENTAL.....	55
6	MATERIAIS E MÉTODOS.....	56
6.1	Condições gerais de experimento.....	56
6.2	Experimento 1 - Análise de crescimento, homeostase iônica e desempenho fotossintético de genótipos de sorgo sob estresse salino.....	56

6.2.1	Aplicação do estresse salino.....	56
6.2.2	Coleta do material vegetal e análises de crescimento.....	56
6.2.3	Fotossíntese líquida.....	57
6.2.4	Teores de K⁺ e Na⁺.....	57
6.2.5	Delineamento experimental e análise de dados.....	57
6.3	Experimento 2 - Respostas fisiológicas e bioquímicas de plantas de sorgo durante a aclimação aos estresses isolados e combinado de salinidade e temperatura elevada..	57
6.3.1	Aplicação dos tratamentos de estresses isolados e combinados de salinidade e temperatura elevada.....	58
6.3.2	Trocas gasosas e fluorescência da clorofila a.....	58
6.3.3	Temperatura foliar (TF).....	59
6.3.4	Teores de K⁺ e Na⁺.....	59
6.3.5	Determinação do teor relativo de água (TRA).....	59
6.3.6	Pigmentos fotossintéticos.....	59
6.3.7	Vazamento de eletrólitos (VE).....	59
6.3.8	Peroxidação de lipídeos e enzimas antioxidantes.....	60
6.3.8.1	<i>Peroxidação de lipídeos.....</i>	60
6.3.8.2	<i>Dismutase do superóxido.....</i>	60
6.3.8.3	<i>Catalase.....</i>	61
6.3.8.4	<i>Peroxidase de ascorbato.....</i>	61
6.3.8.5	<i>Peroxidase do guaiacol.....</i>	61
6.3.8.6	<i>Determinação de proteínas solúveis totais.....</i>	61
6.3.8.7	<i>Delineamento experimental e análise de dados.....</i>	62
6.4	Experimento 3 - Perfil transcriptômico de plantas de sorgo submetidas aos estresses isolados e combinado de salinidade e temperatura elevada.....	62
6.4.1	Extração e avaliação da qualidade do RNA Total.....	62
6.4.2	Análise transcriptômica via RNA - seq.....	63
6.4.2.1	<i>Preparo das bibliotecas de cDNA e sequenciamento</i>	63
6.4.2.2	<i>Análises de bioinformática</i>	64
6.4.2.2.1	<i>Análise das sequências e mapeamento.....</i>	64
6.4.2.2.2	<i>Mensuração dos níveis de expressão e identificação dos genes diferencialmente expressos (GDEs).....</i>	64
6.4.2.2.3	<i>Anotação dos genes diferencialmente expressos (GDEs).....</i>	65

6.4.3	Validação dos dados transcriptômicos através de qPCR.....	65
6.4.3.1	Seleção de genes para validação e desenho de primers.....	65
6.4.3.2	Síntese de DNA complementar (cDNA).....	69
6.4.3.3	Reações de qPCR e análise dos dados de expressão.....	69
6.4.4	Delineamento experimental e análise de dados.....	70
7	RESULTADOS.....	71
7.1	Seleção do período experimental para estudos com plantas de sorgo sob estresses isolados e combinados de salinidade e temperatura elevada.....	71
7.2	Indicadores fisiológicos e bioquímicos de tolerância de plantas de sorgo aos estresses abióticos.....	76
7.2.1	Eficiência da maquinaria fotossintética.....	76
7.2.2	Status hídrico e temperatura foliar.....	82
7.2.3	Homeostase iônica.....	84
7.2.4	Danos oxidativos e potencial antioxidante.....	86
7.3	Modulação do transcriptoma de plantas de sorgo submetidas aos estresses isolado e combinado de salinidade e temperatura elevada.....	89
7.3.1	Processamento dos dados de RNA-seq.....	89
7.3.1.1	Checagem das bibliotecas e mapeamento de reads.....	89
7.3.1.2	Tamanho e normalização das bibliotecas.....	90
7.3.2	Análise dos genes diferencialmente expressos (GDEs).....	91
7.3.2.1	Total de genes identificados e número de GDEs.....	91
7.3.2.2	Dispersão dos genes nas diferentes comparações em MA plot...	92
7.3.2.2.1	Distribuição dos GDEs visualizados em diagramas de Venn.....	95
7.3.3	Padrão de regulação dos GDEs.....	99
7.3.4	Categorização funcional (ontologia gênica - GO e identificação de vias metabólicas - KEEG).....	101
7.3.4.1	Genes modulados pelo estresse salino.....	102
7.3.4.2	Genes modulados pela temperatura elevada.....	117
7.3.4.3	Genes modulados pelo estresse combinado.....	137
7.4	Validação dos dados de RNA-seq por PCR em tempo real....	168
7.4.1	Qualidade do RNA total e reações de PCR quantitativa (qPCR).....	168
7.4.2	Qualidade do cDNA obtido pela reação de transcrição reversa.....	169

7.4.3	<i>Temperatura de anelamento e especificidade dos primers....</i>	169
7.4.4	<i>Análises da estabilidade de expressão dos genes candidatos a normalizadores.....</i>	170
7.4.5	<i>Análise de expressão diferencial via qPCR.....</i>	171
8	DISCUSSÃO.....	1744
8.1	Vias de sinalização e mecanismos de tolerância de plantas de sorgo ao estresse salino.....	174
8.2	Vias de sinalização e respostas ao estresse por temperatura elevada em plantas de sorgo.....	185
8.3	Desempenho de plantas de sorgo frente ao estresse combinado de salinidade e temperatura elevada.....	192
9	CONSIDERAÇÕES FINAIS E PERSPECTIVAS FUTURAS.....	201
	REFERÊNCIAS.....	202
	ANEXOS.....	222

1 INTRODUÇÃO

No Brasil, a cultura do sorgo é responsável pela criação de uma atividade econômica relevante, visto que o país está entre os dez maiores produtores em escala mundial. Segundo estimativas do IBGE, em 2016, o Brasil apresentou produção de 2,06 milhões de toneladas de grãos, com produtividade média de 2,8 t/ha (EMBRAPA MILHO E SORGO, 2017; IBGE, 2017). O plantio dessa cultura é destinado principalmente à produção de ração animal, em especial para aves, suínos e bovinos. Além disso, o sorgo é usado para a alimentação humana, produção de açúcar e, nos últimos anos, tem emergido como uma cultura promissora para a produção de biocombustíveis (MATHUR *et al.*, 2017).

Ademais, uma importante característica do sorgo é sua moderada tolerância a baixos índices pluviométricos (DUGAS *et al.*, 2011) e à salinidade (LACERDA *et al.*, 2003; OLIVEIRA *et al.*, 2013). Em virtude disso, o sorgo é cultivado em áreas secas, salinas e/ou muito quentes nas quais seria inviável a produção de outras culturas, a exemplo do milho. Nesse sentido, diante do seu grande potencial para cultivo em diversas condições de estresses abióticos, o sorgo constitui um excelente modelo para estudos moleculares, visando identificar genes alvo responsáveis por conferir tolerância a condições ambientais adversas.

Dentre os estresses ambientais que assolam a produtividade de inúmeras culturas, destacam-se seca, frio, salinidade e temperatura elevada. A elevação da temperatura global decorrente das mudanças climáticas tem revelado um impacto substancial na produção agrícola mundial (BITA; GERATS, 2013). Já a salinização dos solos também restringe severamente a produtividade das culturas, principalmente por ocasionar efeitos nocivos à fotossíntese e outros processos biológicos (SILVA *et al.*, 2003). Tais episódios têm sido recorrentes nas regiões áridas e semiáridas do Nordeste brasileiro, sendo que a produção agrícola de diversas espécies tem sofrido com problemas alarmantes de estresse hídrico, salinidade e temperaturas elevadas.

A tolerância à salinidade depende largamente da espécie estudada, podendo variar, inclusive, entre genótipos da mesma espécie. De modo geral, as principais respostas de aclimatação a esse estresse incluem mecanismos voltados para a exclusão/compartimentação seletiva de íons, síntese de solutos compatíveis,

alterações nas vias fotossintéticas, indução do sistema antioxidante, sinalização de fitohormônios e ajuste fino da expressão gênica através de múltiplos fatores de transcrição (PRISCO *et al.*, 2016). Por outro lado, as respostas ao estresse por temperatura elevada incluem a síntese de osmoprotetores, indução da defesa antioxidante e de fatores envolvidos em cascatas de sinalização e controle transcricional, além do aumento da transpiração e mudanças na composição lipídica das membranas (HASANUZZAMAN *et al.*, 2013).

Em conjunto, a tolerância aos estresses abióticos é uma característica bastante complexa, de natureza multifatorial (JOSHI *et al.*, 2016). Essa complexidade é ainda mais exacerbada quando se trata de múltiplos estresses, isto é, que ocorrem de forma simultânea, como no ambiente natural. Diversos estudos têm descrito mecanismos de resposta das plantas à salinidade ou a temperatura elevada isoladamente, no entanto, em condições de campo, estes estresses abióticos geralmente ocorrem simultaneamente (MITTLER, 2006; SUZUKI *et al.*, 2014). Estudos recentes revelaram que a resposta de plantas a uma combinação de dois estresses diferentes é específica não podendo, portanto, ser deduzida a partir de estresses aplicados individualmente (SUZUKI *et al.*, 2016; SHAAR-MOSHE *et al.*, 2017).

Estudos recentes têm sido desenvolvidos para avaliar as respostas de plantas ao estresse combinado de salinidade e temperatura elevada. Os resultados mostraram que a aplicação de determinado estresse pode exacerbar ou mitigar os efeitos negativos do outro, dependendo da espécie de planta. Por exemplo, em *Suaeda salsa*, uma planta halófito, observou-se que o estresse combinado ocasionou diminuição da fotossíntese e indução específica de uma série de proteínas envolvidas na produção de energia e transdução de sinais (LI *et al.*, 2011). Em tomate, a aplicação de temperatura elevada, simultaneamente ao estresse salino, parece ter aliviado os danos específicos dos íons tóxicos, favorecendo a homeostase K^+/Na^+ (RIVERO *et al.*, 2013).

Em contraste, plantas de feijão caupi e de *Jatropha curcas* sob estresse combinado apresentaram menor capacidade para regular a homeostase iônica (DUTRA *et al.*, 2011; SILVA *et al.*, 2013). Em *Jatropha curcas*, Silva e colaboradores (2013) demonstraram que os efeitos deletérios da salinidade foram exacerbados

quando a temperatura elevada foi aplicada. Os autores mostraram que o estresse térmico reduziu ainda mais a assimilação de CO₂, aumentou o acúmulo de Na⁺ e Cl⁻, os danos de membrana e a peroxidação lipídica.

Vale ressaltar que, a maioria dos estudos tem empregado análises fisiológicas e bioquímicas para a compreensão dos mecanismos de tolerância aos estresses ambientais. Entretanto, a indução dos mecanismos de aclimatação/tolerância é, em grande parte, orquestrada através da regulação da expressão gênica. Especificamente em sorgo, não existem relatos das respostas moleculares (transcriptômicas) aos estresses combinados de salinidade e temperatura elevada. Para sanar esse problema, o uso de metodologias de análise de expressão em larga escala constitui uma alternativa viável para investigar a modulação na expressão de inúmeros genes simultaneamente (DEYHOLOS, 2010).

A técnica de RNA-seq permite a análise do transcriptoma completo, através do sequenciamento de RNAs, possibilitando detectar conjunto de genes diferencialmente expressos entre uma condição controle e de estresse. Paralelamente, essas informações possibilitam identificar diferentes vias metabólicas envolvidas na resposta a estresses ambientais (KVAM *et al.*, 2012).

Portanto, no presente projeto, foi proposto um estudo comparativo de dois genótipos de sorgo (dotados de diferentes graus de tolerância à salinidade) crescendo na presença de salinidade e temperatura elevada, isoladamente e simultaneamente, buscando investigar alterações no transcriptoma que poderiam resultar na tolerância aos estresses abióticos. Para isso, empregou-se uma análise de larga escala, o RNA-seq, associada a ensaios de natureza fisiológica e bioquímica.

2FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

2.1 Aspectos gerais da cultura do sorgo (*Sorghum bicolor* (L.) Moench)

O sorgo pertence à família *Poaceae*, gênero *Sorghum* e a espécie cultivada é o *Sorghum bicolor* (L.) Moench. A espécie *S. bicolor* é originária de regiões de clima tropical, provavelmente da África, mais precisamente na Etiópia. É uma planta C4, de dias curtos e com altas taxas fotossintéticas. Apresenta um grande número de genótipos distribuídos nos grupos granífero, forrageiro, sacarino e vassoura. A cultura do sorgo tem grande importância mundial, constituindo o principal cereal para mais de 750 milhões de pessoas que vivem nas regiões semi-áridas da África, Ásia e América Latina (RAMATOULAYE *et al.*, 2016). Além disso, a biomassa do sorgo é usada na produção de biocombustíveis, açúcar, fibra ou papel e para ração animal, em especial para aves, suínos e bovinos (MATHUR *et al.*, 2017).

O sorgo é o quinto cereal mais produzido no mundo, ficando atrás apenas do arroz, trigo, milho e cevada (EMBRAPA MILHO E SORGO, 2017). Em escala mundial, os cinco maiores produtores de sorgo são EUA, México, Nigéria, Índia e Argentina, sendo o Brasil o oitavo colocado no ranking de produção (EMBRAPA MILHO E SORGO, 2017). Por ser uma planta de origem tropical, o sorgo não suporta baixas temperaturas, no entanto se adapta a uma gama de ambientes desfavoráveis à maioria dos outros cereais, tais como seca, salinidade e temperatura elevada. Devido a essa característica, no Brasil, o sorgo é cultivado em regiões muito quentes e/ou muito secas (DINIZ, 2010).

No Brasil, a área cultivada com sorgo deu um salto extraordinário a partir do início dos anos 90; no entanto, apesar desse crescimento significativo em área e produção, verifica-se que, em 2016, o Brasil apresentou produção de 2,06 milhões de toneladas de grãos, com produtividade média de 2,8 t/ha (EMBRAPA MILHO E SORGO, 2017; IBGE, 2017). A demanda de grãos no Brasil cresce sistematicamente, sendo que mais de 95 % dessa demanda é atualmente atendida pela cultura do milho. Por outro lado, mesmo com o aumento significativo das safras brasileiras de milho, ainda há dificuldades para atender a demanda em expansão, tendo em vista o crescimento dos setores da avicultura, da suinocultura e da

bovinocultura (DINIZ, 2010). Nesse contexto, uma parte da demanda brasileira de grãos pode ser atendida pelo cultivo do sorgo, uma cultura economicamente viável, haja vista que o custo da sua produção é em média de 20 a 30 % mais barato em comparação com o da produção de milho (EMBRAPA MILHO E SORGO, 2017). Sendo assim, o sorgo está emergindo como uma alternativa rentável em substituição à cultura do milho, principalmente em regiões áridas e semiáridas, como o Nordeste brasileiro.

Além disso, mostrando a importância desta espécie, o sorgo teve seu genoma sequenciado em 2009 e, dessa forma, foi disponibilizado um grande conjunto de dados que pode ser utilizado em estudos moleculares, tais como as análises transcriptômicas. Esse sequenciamento mostrou que o sorgo possui $2n=20$ cromossomos e tem um tamanho de 730 Mb. Tal espécie apresenta 39.813 mil genes, dentre os quais cerca de 34mil são funcionais e codificam aproximadamente 28 mil proteínas (PATERSON *et al.*, 2009). Pelo fato de possuir um pequeno genoma e tolerância moderada à estresses abióticos, o sorgo constitui um modelo experimental promissor para estudos moleculares.

2.2 Estresse salino

2.2.1 Aspectos gerais do estresse salino

A salinidade reduz o crescimento e a produtividade das plantas em todo o mundo. Estima-se que mais de 600 milhões de hectares (ha) estejam afetados pela salinidade nos próximos anos (FAO, 2015). Como resultado do aumento da salinização de terras agrícolas, é projetado que cerca de 50 % das terras cultivadas serão inutilizáveis até o século 21 (WANG *et al.*, 2007).

A salinização dos solos pode ser considerada um processo comum nas zonas áridas e semiáridas (BABU; DEVARAJ, 2008) devido ao baixo índice pluviométrico, a alta evapotranspiração, as altas temperaturas, a baixa qualidade da água usada na irrigação e as práticas inadequadas de manejo do solo (AZEVEDO NETO *et al.*, 2012). A salinidade afeta o desenvolvimento das plantas de três maneiras principais: (1) estresse osmótico, diminuindo a disponibilidade de água; (2) estresse iônico, interrompendo a homeostase iônica celular; e (3) estresse oxidativo, decorrente da produção excessiva de espécies reativas de oxigênio (MUNNS; TESTER, 2008; HUERTAS *et al.*, 2012; TARI *et al.*, 2013).

As respostas das plantas ao estresse salino podem variar dependendo da espécie e, nesse contexto, as plantas podem ser classificadas como halófitas (tolerantes à salinidade) e glicófitas (sensíveis à salinidade). A variação no comportamento é muito ampla, desde glicófitas altamente sensíveis que não crescem em concentrações muito baixas de sais até halófitas, mais resistentes, que sobrevivem em áreas salinas próximas ao oceano (ACOSTA-MOTOS *et al.*, 2017).

2.2.2 Mecanismos de tolerância ao estresse salino

Os mecanismos de tolerância frente à salinidade diferem de acordo com a espécie, estágio de crescimento e desenvolvimento, além de dependerem do tempo de exposição e severidade do estresse. O excesso de sais pode ter impactos negativos em muitos processos, tais como, diminuição do crescimento celular, área foliar e produção de biomassa (ACEVEDO *et al.*, 2002).

De modo geral, a resistência das plantas à salinidade é resultado da ação coordenada de múltiplas vias metabólicas, algumas das quais incluem: (i) exclusão do Na^+ para o apoplasto celular; (ii) compartimentação de Na^+ no vacúolo; (iii) controle da absorção de íons pelas raízes e do transporte para as folhas; (iv) síntese de solutos compatíveis; (v) alteração na estrutura das membranas; (vi) indução do sistema antioxidante enzimático e não enzimático; (vii) indução de hormônios vegetais; (viii) controle da expressão gênica; (ix) indução de fatores de transcrição (FTs); e de diferentes vias de sinalização (MA *et al.*, 2006; TARI *et al.*, 2013).

2.2.2.1 Homeostase osmótica e iônica

Sob condições normais, a absorção de água pelas raízes (pelo processo de osmose) envolve o movimento da água de ambientes com baixa concentração de sais para locais de alta concentração. No entanto, quando a concentração de sais no solo é alta, o movimento da água do solo para a raiz é prejudicado, podendo haver até fluxo na direção contrário, isto é, da planta para o solo. Essa é a maneira mais simples pela qual a salinidade afeta o crescimento das plantas, afetando o status hídrico dos vegetais (MUNNS, 2002; FAO, 2005).

De acordo com este modelo, a primeira fase, isto é, a fase osmótica, começa imediatamente após a concentração do sal em torno das raízes aumentar para um nível limiar (ZHU, 2001; PARIDA; DAS, 2005; MUNNS; TESTER, 2008). Na fase

osmótica, vários processos fisiológicos e bioquímicos, como a fotossíntese, a condutância estomática, o equilíbrio redox e a sinalização celular, são inicialmente afetados e, portanto, ocorre inibição do crescimento e danos aos tecidos. Posteriormente, o crescimento da planta diminui. A segunda fase, isto é, o estresse iônico, afeta o crescimento em estágios posteriores. Nessa fase, as plantas respondem à salinidade quando os íons salinos, notadamente Na^+ , se acumulam em concentrações tóxicas nos tecidos (ZHU, 2003; MUNNS; TESTER, 2008).

Com o intuito de contornar os problemas osmóticos, as plantas podem ativar vias de defesa que resultam no acúmulo de solutos compatíveis, tais como: açúcares (glicose, frutose, sacarose, trealose e rafinose); álcoois polihídricos (sorbitol, manitol, glicerol, arabinitol, pinitol e inosítois metilados); proteínas (peptídeos de baixa massa molecular), aminoácidos e seus derivados (glutamato, aspartato, glicina, prolina, prolina betaína, glicina betaína e β -alanina betaína); ácidos orgânicos (oxaloacetato e malato); aminas terciárias (1,4,5,6-tetra-hidro-2-metil-4-carboxil-piridamina) e poliaminas (putrescina, cadaverina, espermidina, espermina) (ZENG *et al.*, 2015; PRISCO *et al.*, 2016).

Ao mesmo tempo, para evitar o acúmulo de altas concentrações de Na^+ , as plantas podem ativar rotas de defesa que auxiliam na manutenção da homeostase iônica (ACOSTA-MOTOS *et al.*, 2017). O controle do acúmulo de Na^+ em níveis tóxicos pode ser alcançado pela ativação de transportadores Na^+/H^+ SOS1 (através da rota SOS, do inglês *Salt Overly Sensitive*) e NHX (do inglês Na^+/H^+ exchanger), os quais estão envolvidos na exclusão de Na^+ para o apoplasto e na compartimentação desse íon nos vacúolos, respectivamente (JIANG *et al.*, 2010; JI *et al.*, 2013). Várias linhas de evidência sugerem que SOS2 regula a atividade das proteínas NHX. Ensaio de transporte de íons em *Arabidopsis* utilizando vesículas de tonoplasto mostraram que a atividade da proteína AtNHX é reduzida em mutantes *sos2*, demonstrando que a atividade da NHX é alvo de regulação da via SOS (QIU *et al.*, 2004).

Além disso, membros da família de HKTs (transportadores de alta afinidade do potássio) estão envolvidos na recirculação do Na^+ pelo floema, impedindo o acúmulo excessivo de Na^+ nos tecidos aéreos das plantas (RUS *et al.*, 2004). A atividade das proteínas SOS1, NHX e HKT é acoplada a diferenças no gradiente

eletroquímico da membrana plasmática e do vacúolo, as quais são geradas por H⁺-ATPases tipo P (P-ATPase), H⁺-ATPases tipo V (V-ATPase) e H⁺-pirofosfatases (PPase) (PRISCO *et al.*, 2016).

2.2.2.2 Sistema antioxidante

Espécies reativas de oxigênio (EROs), tais como o radical superóxido (O₂⁻), o peróxido de hidrogênio (H₂O₂), o radical hidroxil ([•]HO) e o oxigênio singlete (¹O₂), são produzidas durante o estresse salino, interrompendo a homeostase redox. As EROs em excesso podem ocasionar danos às membranas celulares, degradação de proteínas, quebra da dupla fita do DNA e, conseqüentemente, resultar na morte celular (DJANAGUIRAMAN; PRASAD, 2013). Para neutralizar os efeitos deletérios das EROs, as plantas desenvolveram um sistema complexo de defesa antioxidante, que inclui antioxidantes enzimáticos [dismutase do superóxido (SOD), catalase (CAT), peroxidase de guaiacol (GPOD), peroxidase do ascorbato (APX), monodeshidroascorbato redutase (MDHAR), desidroascorbato redutase (DHAR) e glutathione redutase (GR)] e não-enzimáticos (tais como flavonoides, antocianinas, carotenoides, glutathione, fenilpropanóides e ácido ascórbico) (MILLER *et al.*, 2010; HU *et al.*, 2017).

Em estudos anteriores com plantas de sorgo (genótipos CSF20 e CSF18), Costa e colaboradores (2005) demonstraram que as enzimas SOD e CAT apresentaram atividade aumentada sob salinidade, sendo os maiores incrementos no genótipo tolerante (CSF20).

2.2.2.3 Vias de sinalização e fatores de transcrição

Nas plantas, inúmeras vias de sinalização podem atuar em resposta ao estresse salino, independentemente ou cooperativamente, as quais podem envolver fosfolipídeos, cálcio, EROs, hormônios, dentre outros (PARK *et al.*; 2016). Enzimas como as fosfolipases C, D e A2 (PLC, PLD e PLA2) e diacilglicerol pirofosfatase (DGPP) são diferencialmente ativadas mediante estresses (MEIJER; MUNNIK, 2003). O cálcio citosólico também desempenha um papel fundamental na transdução de sinais e participa de múltiplas respostas a estresses abióticos como frio, seca e salinidade (HUDA, 2013); incluindo a rota SOS.

Apesar do papel deletério que tem sido atribuído a grande parte das EROs, tais moléculas, em baixas concentrações, podem atuar como sinalizadores moleculares e desencadear diversas respostas nos vegetais, como é o caso do H_2O_2 (MITTLER, 2002; MITTLER, 2017). Exemplos disso foram reportados em *Arabidopsis*, onde o fator de transcrição WRKY15, responsivo a EROs, modulou as respostas de tolerância ao estresse osmótico/salino (VANDERAUWERA *et al.*, 2012). Em *Spartina alterniflora*, Karan e Subudhi (2012) demonstraram que o gene *SUMO* pode mediar a tolerância ao estresse salino/seca através de interação com EROs e/ou via de sinalização dependente de ABA.

Outra importante via de sinalização nas plantas durante as respostas aos estresses abióticos é a via da MAPK (proteína quinase ativada por mitógenos - MAPK) (ŠAMAJOVÁ *et al.*, 2013; COLCOMBET; HIRT, 2008). A cascata de sinalização da MAPK consiste de fosforilações sequenciais através das proteínas MAPKKK/MAP3K ou MEKK, MAPKK/MAP2K ou MKK e MAPK ou MPK; as quais fosforilam proteínas alvo e modulam vários processos fisiológicos (KESHET; SEGER, 2010). O envolvimento de MAPKs nas respostas de adaptação à salinidade foi relatado em *Arabidopsis* alfafa (KIEGERL *et al.*, 2000; YU *et al.*, 2010).

Os hormônios vegetais são importantes reguladores das respostas aos estresses abióticos, dentre os quais se destacam o ácido abscísico (ABA), o etileno e o ácido salicílico. Assim, a ação conjunta destes com outros reguladores de crescimento, como giberelinas, citoquininas, auxinas, jasmonatos e brassinosteróides, contribuem grandemente nos processos moleculares relacionados a respostas aos estresses (KUMAR, 2013). Diversos estudos têm atribuído ao ABA o papel de principal hormônio na indução da expressão de genes de respostas à seca, salinidade e frio. A sinalização dependente de ABA geralmente ocorre da seguinte maneira: inicialmente o ABA se liga a proteínas receptoras PYR/PYL/RCAR, as quais se ligam a proteínas PP2Cs, inibindo-as. A inibição das PP2Cs leva a ativação das SnRK2, o que permite a ligação dos elementos trans AREB e ABF (VISHWAKARMA *et al.*, 2017) e culminam no controle da expressão de genes específicos. ABI2 (do inglês *abscisic acid-insensitive2*), um componente da via de sinalização do ABA, mostrou-se capaz de interagir com componentes da via SOS (OHTA *et al.*, 2003).

Em *Arabidopsis thaliana*, cerca de 10 % do genoma consiste em genes regulados por ABA, dos quais metade são genes induzidos e os demais reprimidos. Os genes induzidos por ABA codificam proteínas que conferem tolerância ao estresse salino, como desidrinas, enzimas desintoxicantes de EROs, proteínas reguladoras (fatores de transcrição, proteínas quinases, fosfatases) e enzimas ativadas por fosfolípidos (CUTLER *et al.*, 2010). Convém salientar que a regulação de genes mediada por ABA envolve também a participação de diversos fatores de transcrição, tais como *ABF2/AREB1*, *ABF3*, *ABF4/AREB2*, *ABRE BINDING PROTEIN 9 (ABP9)*, *MYC/MYB*, *WRKY* e *APETALA2/ETHYLENE RESPONSE FACTOR (AP2/ERF)* (LINDEMOSE *et al.*, 2013).

As vias de sinalização ativadas ou reprimidas em virtude dos estresses ambientais são acompanhadas por mudanças nos perfis de expressão de genes (REHMAN; MAHMOOD, 2015). Em *Arabidopsis*, cerca de 6 % do genoma codifica para mais de 1500 fatores de transcrição (FTs) (WANG, 2003). Os FTs envolvidos nas respostas de tolerância aos estresses abióticos, incluindo o estresse salino, podem ser classificados em várias famílias, incluindo MYBs (JIN; MARTIN, 1999), bHLHs (do inglês “basic helix-loop-helix”) (MASSARI; MURRE, 2000), DREBs (elemento responsivo a desidratação) (AGARWAL *et al.*, 2006), ERFs (fator de ligação responsivo a etileno) (REHMAN; MAHMOOD, 2015), bZIPs (do inglês “basic region/leucine zipper motif”) (CORRÊA *et al.*, 2008), NAC (SONG *et al.*, 2011), ZAT (do inglês “Zinc finger protein”) (HU *et al.*, 2017) e WRKYs (ZHANG; WANG, 2005). Esses FTs representam as principais famílias de genes que controlam as respostas a estresses (KAVAS *et al.*, 2016).

2.3 Temperatura elevada

2.3.1 Aspectos gerais da temperatura elevada

A temperatura é um fator importante que controla o crescimento e o desenvolvimento das plantas. Episódios de temperatura elevada são considerados uma das condições ambientais mais desfavoráveis ao desenvolvimento das culturas vegetais, principalmente nas zonas áridas e semiáridas (BITA; GERATS, 2013). Esse problema tende a se agravar nessas regiões, haja vista que, de acordo com dados do IPCC (2013), a temperatura global está aumentando 0,15 a 0,6 °C por década. Assim, estima-se que no ano de 2100, a temperatura da terra terá

aumentado de 1,8 a 4,0 °C. Dessa forma, torna-se imperativo o desenvolvimento de culturas mais resistentes a temperaturas elevadas.

A susceptibilidade à temperatura elevada em plantas varia de acordo com o estágio de desenvolvimento da planta, no entanto o estresse térmico afeta até certo ponto todos os estágios, desde o estágio vegetativo até o reprodutivo. Os efeitos observados dependem da espécie e do genótipo (BARNABÁS *et al.*, 2008; SAKATA; HIGASHITANI, 2008). Neste sentido, os vegetais podem alterar o metabolismo de várias maneiras em resposta ao estresse causado por temperatura elevada. Em tal condição, as plantas acumulam diferentes metabólitos, tais como antioxidantes, osmoprotetores e proteínas de choque térmico (HSPs) (BOHNERT *et al.*, 2006; BOKSZCZANIN; FRAGKOSTEFANAKIS, 2013).

De maneira geral, o estresse térmico causa danos severos ao complexo de evolução do oxigênio (CEO), proteínas associadas ao fotossistema II (PSII) e a fixação de carbono. Quando tais componentes sofrem perda na eficiência, há uma redução na eficiência do transporte de elétrons, o que leva, conseqüentemente, ao aumento na produção de EROs e alterações na composição de lipídeos de membranas (peroxidação de lipídeos). Os mecanismos de resistência ao estresse térmico estão voltados para o aumento da termotolerância do aparato fotossintético (HEMANTARANJAN *et al.*, 2014), especialmente com a capacidade de desintoxicação das EROs (XU *et al.*, 2006; CHAKRABORTY; PRADHAN, 2011; HAMEED *et al.*, 2012).

2.3.2 Mecanismos de tolerância ao estresse por temperatura elevada

Em termos de defesa morfológica/anatômica e funcional, as plantas desenvolveram mecanismos de adaptação ao estresse térmico, dentre os quais destacamos o aumento da transpiração para reduzir a temperatura foliar e, assim, evitar danos ao aparato fotossintético, diminuição da área foliar e revestimento da superfície das folhas com cera (PANDEY *et al.*, 2015). As plantas podem também ativar mecanismos fisiológicos e bioquímicos, os quais compreendem ativação de rotas metabólicas destinadas a manutenção da homeostase redox, osmótica e conseqüente manutenção da produção de biomassa (HASANUZZAMAN *et al.*, 2013).

2.3.2.1 EROs e HSPs e seus papéis na aclimação à temperatura elevada

A nível celular, a geração de espécies reativas de oxigênio (EROs) também é comum sob temperatura elevada (ALMESELMANI *et al.*, 2006). Para neutralizar os efeitos prejudiciais das EROs, as plantas possuem um complexo sistema de defesa antioxidante enzimático e não-enzimáticos, como citado anteriormente (HARSH *et al.*, 2016).

As proteínas de choque térmico (do inglês, *Heat Shock Proteins* - HSPs) são amplamente reconhecidas como moléculas responsivas ao estresse térmico. Em plantas, tais proteínas são agrupadas em cinco classes, com base em suas massas moleculares: (1) HSP100, (2) HSP90, (3) HSP70, (4) HSP60 e (5) pequenas proteínas de choque térmico (sHSPs). As HSPs desempenham papel importante na transdução de sinal durante o estresse, protegendo e reparando proteínas e membranas danificadas, além de atuarem como chaperonas (GUPTA *et al.*, 2013; ASTHIR, 2015). A modulação positiva da HSP101 em *Arabidopsis* e arroz resultou em efeitos positivos no crescimento sob elevadas temperaturas (LIU *et al.*, 2011).

A transcrição de genes HSPs é controlada principalmente pelas proteínas chamadas HSFs (do inglês *Heat Stress Transcription Factors*), um grupo de fatores transcricionais amplamente presente em plantas (MITTLER *et al.*, 2012). A análise do transcriptoma de *Perennial ryegrass* (*Lolium perenne*) revelou uma correlação entre o aumento na expressão de genes relacionados ao sistema antioxidante (tais como SOD, CAT, APX e outras *peroxidases*) com genes que codificam fatores de transcrição (HSFs) e HSPs (WANG *et al.*, 2017). De modo similar, os fatores de transcrição *HSFA2* e *A3* foram relacionados com o aumento da tolerância de *Arabidopsis* ao estresse térmico (LI *et al.*, 2017).

2.3.2.2 Osmólitos compatíveis

A síntese e acúmulo de solutos compatíveis são fundamentais para o ajustamento osmótico e manutenção da atividade celular de plantas sob estresse por temperatura elevada (HARSH *et al.*, 2016). A aplicação exógena de osmoprotetores e moléculas de sinalização demonstraram efeito benéfico sobre plantas cultivadas em temperatura elevada, tendo em vista aumento da capacidade antioxidante e crescimento (HASANUZZAMAN *et al.*, 2013). Rasheed e colaboradores (2011) mostraram que, em cana-de-açúcar, a aplicação exógena de

prolinae glicina betaina atenuou os efeitos negativos do estresse térmico, reduzindo consideravelmente a produção de H₂O₂ e acumulando açúcares solúveis. Em *Cicer arietinum*, a aplicação de prolina garantiu a proteção de enzimas vitais do ciclo do Calvin e do metabolismo antioxidante, o que pode ser a base da tolerância ao calor nesta espécie (KAUSHAL *et al.*, 2011).

As poliaminas (PAs) também têm sido citadas como cruciais nas respostas ao estresse térmico em plantas. As PAs causam efeitos positivos na estrutura e função do aparelho fotossintético, bem como são capazes de manter a termoestabilidade das membranas dos tilacóides sob elevadas temperaturas, aumentando, assim, a eficiência fotossintética (KUSANO *et al.*, 2007).

2.3.2.3 Via de sinalização da MAPK

Uma das principais vias envolvidas na sinalização ao estresse por temperatura elevada é a cascata de sinalização MAPK, uma resposta observada em inúmeras espécies de plantas (SANGWAN *et al.*, 2002; AGRAWAL *et al.*, 2002; BLANCO *et al.*, 2006). Em tomate, a temperatura elevada resultou em ativação rápida e transitória de uma MAPK de 50 kDa, tanto em cultura de suspensão de células fotoautotróficas quanto em folhas de plantas maduras, um processo dependente de cálcio (LINK *et al.*, 2002). De acordo com Qu e colaboradores (2013), as vias de sinalização da MAPK podem também ser ativadas por EROs, as quais acionam fatores de transcrição (tais como os WRKYs) que coordenam a expressão de genes relacionados a manutenção da homeostase redox em plantas.

De forma geral, a modificação conjunta nos parâmetros morfológicos, fisiológicos, bioquímicos e moleculares conduz gradualmente para o desenvolvimento da tolerância ao calor sob a forma de aclimação, ou, no caso ideal, a adaptação. Neste sentido é crucial compreender de forma integrada os mecanismos responsáveis pelas respostas das plantas a esta condição ambiental.

2.4 Respostas das plantas a estresses combinados

2.4.1 Aspectos gerais dos estresses combinados

No campo, as culturas estão expostas a uma combinação variada de diversos fatores abióticos, os quais interagem fortemente e podem ocasionar fatores adversos que afetam a produtividade (MUNNS, 2002; MITTLER, 2002). Estresses

abióticos, como seca, altas e baixas temperaturas, deficiência de nutrientes e estresse salino podem atrasar o crescimento e o desenvolvimento dos vegetais, diminuindo assim a produtividade das culturas, podendo inclusive causar a morte das plantas (KRASENSKY; JONAK, 2012).

Sob condições naturais, combinações de dois ou mais estresses, como seca + salinidade, salinidade + altas temperaturas e seca + altas temperaturas são comuns em muitas regiões cultivadas ao redor do mundo. Diversos estudos têm demonstrado que os estresses combinados tornam-se mais agudos e letais para o crescimento e desenvolvimento das plantas comparado aos estresses individuais (RIZHSKY *et al.*, 2004; MITTLER, 2006; ANJUM *et al.*, 2008; RAMEGOWDA; SENTHIL-KUMAR, 2015). Os efeitos do estresse combinado nas plantas dependem principalmente da idade fisiológica da planta, da natureza intrínseca de tolerância ao estresse e dos tipos de estresses aos quais as culturas são expostas simultaneamente (PANDEY *et al.*, 2015).

Estudos têm mostrado que as respostas moleculares e metabólicas atribuídas aos efeitos combinados dos estresses de seca e de alta temperatura, por exemplo, são únicas, e não podem ser extrapoladas baseando-se nas respostas desses estresses aplicados isoladamente (MITTLER, 2006). Os efeitos da combinação de seca e temperatura elevada no crescimento e produtividade do milho, cevada, sorgo e diferentes gramíneas têm sido examinado por diversos centros de pesquisa. Em todos os casos, a combinação de seca com temperatura elevada aumentou significativamente os efeitos negativos sobre o crescimento e produtividade das culturas em comparação com os estresses aplicados individualmente (HEYNE; BRUNSON, 1940; SAVIN; NICOLAS, 1996; JAGTAP *et al.*, 1998; JIANG; HUANG, 2001). Além do pouco entendimento dos aspectos fisiológicos relacionados aos mecanismos de aclimação a estresses abióticos múltiplos, pouco se conhece acerca das interações moleculares envolvidas na proteção celular sob condições de dois ou mais estresses distintos (MITTLER, 2006).

Da mesma forma que observado para o padrão bioquímico e fisiológico, as respostas moleculares de plantas de *Arabidopsis* sob combinação de seca e/ou temperatura elevada apresentaram padrões diferentes daqueles obtidos quando os estresses foram aplicados independentemente (RIZHSKY *et al.*, 2004).

Recentemente, considerando todos os genes responsivos à seca e temperatura elevada, observou-se que 60 % do total dos transcritos identificados eram específicos apenas para a condição de estresse combinado (RASMUSSEN *et al.*, 2013). Além disso, genes da via de sinalização da MAPK (*MKK9* e *MPK20*) foram exclusivos do estresse combinado de temperatura elevada e seca em sorgo (JOHNSON *et al.*, 2014). Portanto, isso enfatiza a necessidade de estudos visando compreender as respostas de plantas aos estresses aplicados simultaneamente.

2.4.2 Efeitos da combinação da salinidade e temperatura elevada

As áreas agrícolas afetadas pela salinidade estão frequentemente localizadas em regiões áridas ou semiáridas, em que a influência do estresse salino é agravada pela ação simultânea de fatores xerotérmicos, particularmente as altas temperaturas (KUZNESTOV; SHEVYAKOVA, 1997). Tanto a temperatura alta como a salinidade causam um esgotamento no teor de água celular e potencial osmótico. Portanto, plantas crescidas sob altas temperaturas e condições salinas experimentam episódios contantes de estresse hídrico (SHAAR-MOSHE *et al.*, 2017).

Plantas sob estresse térmico (temperatura elevada) geralmente intensificam a transpiração via aumento da condutância estomática, uma tentativa de resfriar a superfície foliar. No entanto, quando esse estresse é aplicado simultaneamente ao tratamento com sais, pode haver incremento na taxa de absorção e do fluxo de íons Na^+ e Cl^- para a parte aérea das plantas, o que acarretará em altas concentrações de íons tóxicos nos tecidos vegetais (MITTLER, 2006). Dessa forma, as plantas devem balancear os mecanismos de absorção de água e de íons para evitar efeitos ainda mais drásticos aos componentes celulares.

Outro mecanismo fundamental para aclimação ao estresse combinado de salinidade + altas temperaturas é a capacidade de manter a homeostase osmótica e, assim, evitar a desnaturação de proteínas de membranas e dessecação dos tecidos vegetais. Para isso, as plantas produzem e acumulam osmoprotetores, que são compostos bioquímicos que estabilizam proteínas e membranas contra os efeitos desnaturantes das temperaturas elevadas e altas concentrações de sais (KUZNESTOV; SHEVYAKOVA, 1997; YANCEY, 2005). Recentemente, Suzuki e colaboradores (2016) mostraram que a resposta ao estresse combinado de salinidade e temperatura elevada pode ser mediada por ABA.

Em tomate, a combinação do estresse salino e temperatura elevada forneceu um nível significativo de proteção para as plantas em relação aos efeitos da salinidade (RIVERO *et al.*, 2013). Os autores relataram que uma resposta específica das plantas ocorreu durante a exposição à combinação dos estresses, havendo acúmulo de glicina betaína e trealose, bem como manutenção de uma elevada concentração de K^+ e, portanto, uma menor relação Na^+/K^+ (RIVERO *et al.*, 2013). Além disso, o aumento da transpiração, decorrente do estresse térmico, provavelmente reduziu os danos ao fotossistema II, aumentando assim a taxa de assimilação de CO_2 e, em consequência, a taxa de crescimento.

Em *Anacardium occidentale*, o estresse combinado modulou positivamente o estado redox das plantas (FERREIRA-SILVA *et al.*, 2011). Já em feijão, a homeostase iônica foi menor no estresse combinado (DUTRA *et al.*, 2011). De forma similar, em *Jatropha curcas*, o que se notou foi uma resposta negativa mais acentuada dos efeitos do estresse salino quando ambos os estresses foram aplicados simultaneamente. Os efeitos negativos incluíram menor assimilação de CO_2 e aumento da peroxidação lipídica (SILVA *et al.*, 2013).

Li e colaboradores (2011) investigaram o perfil proteico de plantas de *Suaeda salsa* submetidas à combinação de estresse salino e temperatura elevada. Os autores relataram que a expressão das proteínas nucleosídeo difosfato quinase 1, proteínas de ligação a clorofila a e b e transportadores ABC foi exclusiva do estresse combinado (LI *et al.*, 2011). Estudos utilizando cevada como modelo experimental revelaram que altas temperaturas podem estimular o crescimento das plantas e mitigar alguns dos efeitos negativos da salinidade, uma resposta atribuída à modulação na transcrição de genes relacionados ao estresse salino (FARALLI *et al.*, 2015).

Em sorgo, um único artigo visando investigar as respostas ao estresse combinado de salinidade e temperatura elevada foi encontrado na literatura, no entanto, o estudo não abordou os fatores moleculares envolvidos nos mecanismos de tolerância a esses estresses. Nesse sentido, Yan e colaboradores (2012) relataram que o tratamento com NaCl diminuiu as taxas fotossintéticas, o que foi atribuído à limitação estomática, mas não restringiu a atividade do fotossistema II (PSII). Em contraste, sob condições de altas temperaturas, a função do PSII foi

inibida nas folhas de sorgo, principalmente pela queda da eficiência fotoquímica máxima do PSII (Fv/Fm). No entanto, quando o estresse térmico foi aplicado simultaneamente ao estresse salino, a diminuição nos parâmetros fotoquímicos foi menos acentuada e uma leve diminuição na assimilação de CO₂ foi reportada, indicando, segundo os autores, que o tratamento salino pode ter aumentado a termotolerância e regulado positivamente a fotossíntese (YAN *et al.*, 2012).

De acordo com os achados dos trabalhos citados, observa-se que as respostas frente à combinação de salinidade e temperatura elevada divergem entre as diferentes espécies, podendo ocorrer uma proteção cruzada ou um efeito cumulativo da aplicação dos estresses simultaneamente. Até o presente momento, considerando a mesma espécie, não há relatos sobre alterações no transcriptoma de diferentes cultivares e/ou genótipos envolvendo o estresse combinado de salinidade e altas temperaturas.

2.5 Genômica funcional

A genômica pode ser subdividida em diferentes campos de estudo com escopos distintos. Um deles é a genômica funcional que utiliza dados genômicos para descrever funções gênicas e suas interações. Com base nos termos “genoma” e “genômica”, neologismos para descrever conjuntos de dados biológicos completos, e respectivas áreas de estudo, foram criados com os sufixos “oma” e “ômica”. Transcriptoma é o conjunto completo de moléculas de RNA presente numa célula, tecido ou organismo, sendo que a análise em larga escala destas moléculas é conhecida como transcriptômica (HOEIJMAKERS *et al.*, 2013).

2.5.1 Novas tecnologias de sequenciamento de DNA e RNA

O desenvolvimento das técnicas de sequenciamento enzimático (SANGER *et al.*, 1977) e químico (MAXAM; GILBERT, 1977) do DNA, na década de 70, revolucionaram a prática científica. Os sequenciadores de Sanger foram utilizados com sucesso para sequenciar o primeiro genoma de um organismo de vida-livre, a bactéria *Haemophilus influenzae* (FLEISCHMANN *et al.*, 1995), da levedura *Saccharomyces cerevisiae* (GOFFEAU *et al.*, 1997), de vários mamíferos, como o genoma humano (LANDER *et al.*, 2001), do camundongo (WATERSTON *et al.*, 2002) e do chimpanzé (MIKKELSEN *et al.*, 2005), além dos genomas de vários

protozoários (COPPEL; BLACK, 2005), como o *Trypanosoma cruzi* (EL-SAYED *et al.*, 2005), entre outros.

A tecnologia de sequenciamento da primeira, e principalmente a de segunda geração (NGS), revolucionou a pesquisa biológica em todos os campos. Desde a publicação da sequência do genoma de *Arabidopsis thaliana* em 2000, uma profunda compreensão da biologia de plantas de espécies modelo e cultiváveis tem sido gerada através do sequenciamento de genomas inteiros, ressequenciamento com genoma alvo, análises de transcriptomas e epigenomas. Todo esse progresso ocorreu graças ao desenvolvimento desta tecnologia concomitante ao avanço das análises de bioinformática (MOROZOVA; MARRA, 2008; GOODWIN *et al.*, 2016).

Atualmente, novas tecnologias de sequenciamento de DNA\RNA já estão disponíveis e consolidadas no mercado, com respectivas vantagens e desvantagens (METZKER, 2010). As principais plataformas NGS para sequenciamento de DNA\RNA disponíveis incluem: 454 FLX (Roche), HiSeq2000/2500 (Illumina/Solexa), SOLiD e Íon Torrent (Applied Biosystems) e Helicos (Heliscope™) (MARDIS, 2008).

Embora essas plataformas sejam bem distintas na química de sequenciamento, bem como na forma como o arranjo para sequenciamento é gerado, o fluxo de trabalho é conceitualmente similar, envolvendo o preparo da biblioteca através da fragmentação aleatória do DNA\RNA, seguida por ligação *in vitro* de adaptadores em ambas as extremidades das moléculas (WANG *et al.*, 2009). A formação de moléculas moldes para o sequenciamento é realizada por amplificação clonal de cada um dos fragmentos originais, através de um dos métodos conhecidos como colônias de polimerase: PCR em emulsão (454 e SOLiD), e PCR de ponte em fase sólida no Illumina (SHENDURE; JI, 2008).

2.6 Análise transcriptômica

A genômica funcional engloba as análises de genômica, transcriptômica, metabolômica, proteômica, ionômica e epigenômica. Antes do surgimento das análises transcriptômicas, o estudo da expressão gênica era restrito a um ou alguns genes. No entanto, sabe-se que a nível celular os genes não estão isolados, eles interagem entre si participando de uma complexa rede de expressão e regulação. A análise transcriptômica permite identificar e analisar o perfil de expressão de todos os genes de uma célula ou população de células expressos em condições de

desenvolvimento ou estresse, fornecendo uma visão temporal e espacial do todo (MCGETTIGAN, 2013).

A primeira abordagem transcriptômica foi fornecida pela técnica de microarranjos (SCHENA *et al.*, 1995). O primeiro trabalho descrevendo a técnica de microarranjos foi publicado na revista Science em 1995, no qual foi demonstrada a capacidade da técnica na análise de expressão diferencial de 45 genes de *Arabidopsis thaliana* em diferentes tecidos da planta (SCHENA *et al.*, 1995). Devido a esta tecnologia ser baseada na hibridização, a análise transcriptômica ficava restrita aos genes conhecidos, não sendo possível identificar novos transcritos e a sua sequência, além disso a técnica requer grande quantidade de RNA (VERK *et al.*, 2013). Os anos subsequentes presenciaram uma explosão na aplicabilidade desta técnica, destacando-se a produção de um microarranjo representando o transcriptoma completo de *Saccharomyces cerevisiae* (LASHKARI *et al.*, 1997).

No ano de 2008, foi publicado o primeiro estudo aplicando tecnologias NGS no sequenciamento de transcriptoma (NAGALAKSHMI *et al.*, 2008), técnica essa denominada RNA-seq. O método conhecido como sequenciamento de RNA (RNA - Seq) baseia-se no isolamento de RNA total ou poli(A)⁺, conversão do mesmo em uma biblioteca de fragmentos de cDNA ligados a adaptadores em ambas as extremidades, e sequenciamento de cada uma das moléculas usando uma das técnicas de sequenciamento em larga escala (SALAZAR *et al.*, 2011; FENG *et al.*, 2012; KAKUMANU *et al.*, 2012).

Após o sequenciamento do RNA, dezenas de milhares de fragmentos gerados (*reads*) são alinhados a um genoma ou transcriptoma de referência, os quais são usados para obter a sequência dos transcritos e o nível de expressão de cada gene (MARTIN *et al.*, 2013). As ferramentas comumente usadas são o TopHat, Bowtie, BWA e STAR. Entretanto, para espécies que não possuem genoma de referência é feita a montagem *de novo* dos *reads* totais em transcritos, gerando um transcriptoma de referência que é usado para inferir a expressão diferencial. As principais ferramentas de montagem incluem: Trinity, Oases, Trans-ABYSS e SOAPdenovo (MCGETTIGAN, 2013; MUTZ *et al.*, 2013). Consequentemente, um dos maiores desafios da atualidade é desenvolver ferramentas cada vez mais

eficientes e fidedignas para análise, síntese e compreensão desse emaranhado de dados gerados.

A tecnologia do RNA-seq oferece diversos progressos sobre técnicas existentes para análise do transcriptoma, pois, diferente dos métodos baseados em hibridização (Microarranjo e Northern - blot), RNA-seq não necessita de conhecimento prévio do transcriptoma e não se limita a avaliação de genes para os quais existam sondas. Ademais, RNA-seq possibilita obter o perfil de expressão espaço-temporal em larga escala, fornece a sequência dos transcritos totais (anotados ou não), identifica diferentes isoformas, variações de *splicing* e o polimorfismo em um único nucleotídeo (SNP), além de ser rápida e de custo cada vez mais acessível (LEVIN *et al.*, 2010; MCGETTIGAN, 2013; MUTZ *et al.*, 2013). Finalmente, como não há passos de clonagem, a análise via RNA-seq requer pequenas quantidades de amostras e, considerando as vantagens descritas acima, vem se consolidando como o método padrão para análise em larga escala de transcriptomas (WILHELM; LANDRY, 2009; CONESA *et al.*, 2016; HRDLICKOVA *et al.*, 2017).

3 HIPÓTESE

Os graus variados de tolerância aos estresses de salinidade e temperatura elevada entre genótipos de sorgo são decorrentes de alterações pontuais no perfil transcriptômico, que desencadeiam mecanismos de aclimação ao estresse; bem como divergem dependendo do tipo e da combinação dos estresses.

4 OBJETIVOS

4.1 Objetivo Geral

Analisar a modulação do transcriptoma de folhas de dois genótipos de sorgo (*Sorghum bicolor* L. Moench), CSF20 (tolerante à salinidade) e CSF18 (sensível à salinidade), frente ao estresse salino, à temperatura elevada e à combinação desses dois estresses, correlacionando com as alterações nos parâmetros fisiológicos, bioquímicos e de crescimento.

4.2 Objetivos Específicos

- Mensurar os parâmetros fisiológicos (teor relativo de água, trocas gasosas, fluorescência da clorofila e temperatura foliar), bioquímicos (danos de membrana, enzimas antioxidantes e acúmulo dos íons Na^+ e K^+) e de crescimento (massa seca da parte aérea e das raízes) de plantas de dois genótipos de sorgo (CSF18 e CSF20) sob condições de estresse isolado e combinado de salinidade e temperatura elevada;
- Identificar os genes diferencialmente expressos (GDEs), via análise transcriptômica (RNA-seq), nas folhas de dois genótipos de sorgo, responsivos ao estresse salino, à temperatura elevada e à combinação desses dois estresses;
- Classificar por meio de ontologia gênica (GO), e identificar as vias metabólicas dos GDEs nas folhas de dois genótipos de sorgo sob diferentes condições experimentais;
- Validar os resultados da análise transcriptômica via RNA-seq utilizando a técnica de PCR quantitativa (qPCR).

5 ESTRATÉGIA EXPERIMENTAL

O presente trabalho foi desenvolvido utilizando, como modelo experimental, plantas de dois genótipos de *Sorghum bicolor* (L.) Moench dotados de diferentes graus de tolerância ao estresse salino, o CSF20 (tolerante à salinidade) e o CSF18 (sensível à salinidade).

Inicialmente, em experimentos preliminares conduzidos em casa de vegetação, plantas de ambos os genótipos de sorgo foram cultivadas em soluções nutritivas e submetidas ao estresse salino com NaCl a 100 mM com o intuito de estabelecer o período experimental a ser empregado. Nessa ocasião, o tempo de análise (12 dias) foi definido levando em consideração redução superior a 25% na fotossíntese líquida e variações significativas no acúmulo de íons Na⁺ nos tecidos das plantas dos tratamentos salinos em relação ao controle. Já a temperatura foi selecionada (42 °C) baseando-se em estudos preliminares com plantas de sorgo.

Durante os ensaios definitivos, os experimentos foram conduzidos em câmara de crescimento com ambiente controlado, utilizando os mesmos genótipos de sorgo descritos anteriormente. Esses ensaios foram compostos por quatro tratamentos: controle, salinidade, temperatura elevada e salinidade + temperatura elevada (estresse combinado). Indicadores de tolerância (parâmetros fisiológicos, bioquímicos e de crescimento) foram utilizados para avaliar o desempenho dos genótipos de sorgo frente aos estresses isolados e combinados de salinidade e temperatura elevada. Paralelamente, foi realizado um estudo transcriptômico, via RNA-seq, com o propósito de identificar genes diferencialmente expressos (GDEs) em resposta aos tratamentos de estresse. Após análise minuciosa dos GDEs, os genes que apresentaram modulações mais acentuadas foram selecionados para validação do perfil de expressão, a qual foi conduzida através da técnica de PCR em tempo real (qPCR).

6 MATERIAIS E MÉTODOS

6.1 Condições gerais de experimento

Sementes de dois genótipos de *Sorghum bicolor*, CSF20 (tolerante à salinidade) e CSF18 (sensível à salinidade) (LACERDA *et al.*, 2003), fornecidas pelo Instituto Agrônomo de Pernambuco (IPA), foram desinfestadas em solução de hipoclorito de sódio 2 %, durante 10 minutos, e embebidas em água destilada durante 2 horas. A semeadura foi realizada em papel de filtro umedecido com água destilada em câmara de germinação (ELETROLAB). Sete dias após a semeadura (DAS), plântulas de tamanho uniforme foram transferidas para vasos plásticos contendo solução nutritiva de Hoagland (HOAGLAND; ARNON, 1950), pH 6,0. Os experimentos foram conduzidos em casa de vegetação, com as seguintes condições ambientais: temperatura média [29°C (dia)/24°C (noite)], umidade relativa (68 %), densidade de fluxo de fótons fotossintéticos (DFFF)(820 $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$) e fotoperíodo de 12 h, e em câmara de crescimento com ambiente controlado.

6.2 Experimento 1 - Análise de crescimento, homeostase iônica e desempenho fotossintético de genótipos de sorgo sob estresse salino

Este experimento teve por finalidade definir o período de tempo necessário para o estresse salino promover decréscimos de aproximadamente 25 % nas taxas de fotossíntese líquida e variações diferenciais no acúmulo de Na^+ nos tecidos dos dois genótipos de sorgo.

6.2.1 Aplicação do estresse salino

A submissão das plantas ao estresse salino foi iniciada aos 30 DAS, sendo aplicado doses de 50 mM de NaCl a cada 24 horas, até atingir a concentração final de 100 mM. A dose de NaCl a 100 mM foi selecionada com base nos estudos de Lacerda e colaboradores(2003), a qual mostrou ser uma concentração capaz de limitar o crescimento do sorgo, sem causar a morte da planta.

6.2.2 Coleta do material vegetal e análises de crescimento

As análises foram realizadas ao longo de 20 dias (0, 2, 4, 6, 8, 12, 16 e 20 dias) do início dos tratamentos salinos. Em cada tempo de análise, três plantas de

cada tratamento foram coletadas individualmente e separadas em parte aérea (folhas + caules) e raízes. O material vegetal foi acondicionado em sacos de papel e mantidos em estufa de circulação de ar a 70 °C. Após secagem completa do material, foram determinadas as massas secas da parte aérea (MSPA) e das raízes (MSR), sendo esses valores utilizados para calcular a massa seca total (MST).

6.2.3 Fotossíntese líquida

As mensurações foram realizadas em folhas totalmente expandidas das plantas de ambos os genótipos de sorgo. Os valores de fotossíntese líquida (**A**), foram determinados por meio de um analisador de gás no infravermelho (IRGA, modelo LI-6400 XT, LI-COR, Lincoln, NE, EUA).

6.2.4 Teores de K^+ e Na^+

Os íons potássio (K^+) e sódio (Na^+) foram extraídos a partir da homogeneização de 100 mg de tecidos da parte aérea com 10,0 mL de água desionizada, em tubos de ensaios, os quais permaneceram a 45 °C, durante 1 h, com agitações a cada 15 min. Decorrido esse tempo, as amostras foram centrifugadas a 3.000 × g por 15 min, à temperatura ambiente. O sobrenadante foi coletado e utilizado para mensurar os teores de K^+ e Na^+ com o auxílio de um fotômetro de chama [Micronal, modelo B462 (São Paulo, São Paulo, Brasil)] (MALAVOLTA *et al.*, 1989).

6.2.5 Delineamento experimental e análise de dados

O delineamento experimental foi o inteiramente casualizado, em esquema fatorial 2 × 2, consistindo de dois genótipos de sorgo (CSF20 e CSF18) e duas condições experimentais (controle e salinidade), com três repetições biológicas. Cada repetição biológica foi composta por 3 plantas. Os resultados foram submetidos à análise de variância (ANOVA) e, quando houve diferença significativa, as médias foram comparadas através do teste de Tukey a 5 % de probabilidade, utilizando o programa Sisvar (versão 5.6) (FERREIRA, 2015).

6.3 Experimento 2 - Respostas fisiológicas e bioquímicas de plantas de sorgo durante a aclimação aos estresses isolados e combinado de salinidade e temperatura elevada

Uma vez definido o período experimental a ser adotado (12 dias de estresse), os experimentos definitivos foram implementados. Durante essa etapa, os ensaios foram conduzidos com o objetivo de identificar mecanismos fisiológicos e bioquímicos (os indicadores de tolerância) utilizados pelos genótipos de sorgo para mitigar os danos ocasionados pela exposição à salinidade, à temperatura elevada e a combinação salinidade + temperatura elevada.

6.3.1 Aplicação dos tratamentos de estresses isolados e combinados de salinidade e temperatura elevada

Para a aplicação dos tratamentos, inicialmente, plantas crescendo na ausência (controle) e presença de NaCl a 100 mM, após 10 dias de estresse, foram transferidas para câmara de crescimento com ambiente controlado, para um período de aclimação, onde permaneceram a 25 °C, durante 24 h. Transcorrido esse tempo, os tratamentos de temperatura elevada e estresse combinado foram aplicados. A temperatura de 42 °C foi selecionada com base nos estudos de Yan e colaboradores (2013), a qual foi obtida a partir da elevação gradativa de 25 °C a 42 °C (5 °C/hora). Dessa forma, o experimento consistiu de quatro tratamentos: controle (25 °C + NaCl a 0 mM), salinidade (25 °C + NaCl a 100 mM), temperatura elevada (42 °C + NaCl a 0 mM) e estresse combinado (42 °C + NaCl a 100 mM). As análises foram realizadas após 12 e 24 horas da imposição dos tratamentos (totalizando 12 dias de estresse salino). As condições experimentais na câmara de crescimento foram: DFFF (400 $\mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$), umidade relativa (55±5 %) e fotoperíodo de 12 h.

6.3.2 Trocas gasosas e fluorescência da clorofila a

As trocas gasosas foram mensuradas em folhas completamente expandidas das plantas de ambos os genótipos de sorgo. Os valores de fotossíntese líquida (**A**), condutância estomática (**g_s**), transpiração (**E**) e concentração interna de CO₂ (**Ci**) foram determinados utilizando o IRGA (LI-6400 XT, LI-COR, Lincoln, NE, EUA). Com os dados de **A**, **g_s** e **Ci** foram calculadas a eficiência intrínseca do uso da água (**A/ g_s**) e a eficiência de carboxilação da Rubisco (**A/Ci**). Já os parâmetros de fluorescência da clorofila a foram mensurados usando um fluorômetro (modelo LI-6400-40, LI-

COR, Lincoln, NE, EUA) acoplado ao IRGA. Os parâmetros de fluorescência da clorofila a foram: rendimento quântico máximo do PSII (F_v/F_m), rendimento quântico efetivo do PSII ($\Delta F/F_m'$), dissipação fotoquímica (q_p) e não fotoquímica (NPQ) e taxa de transporte de elétrons (ETR). De posse dos dados de A e ETR foi calculado o parâmetro ETR/A , um indicativo de dreno alternativo de elétrons.

6.3.3 Temperatura foliar (TF)

A temperatura foliar (TF) foi mensurada durante os ensaios de trocas gasosas por meio de um sensor termopar acoplado ao IRGA.

6.3.4 Teores de K^+ e Na^+

Os teores dos íons K^+ e Na^+ foram determinados de modo idêntico ao descrito no item 6.2.4.

6.3.5 Determinação do teor relativo de água (TRA)

O teor relativo de água foi determinado de acordo com Silveira e colaboradores (2003). Para tal análise vinte discos foliares (1 cm de diâmetro cada) foram coletados e imediatamente pesados em balança analítica, obtendo-se assim a massa fresca (MF). Em seguida os discos foliares foram depositados em tubos de ensaio contendo 20 mL de água deionizada por 12 h, transcorrido esse tempo o excesso de água na parte externa dos discos foi removido e estes discos foram pesados para obtenção da massa túrgida (MT). Posteriormente os discos foram levados a estufa de circulação forçada de ar a 70 °C por 72 h, obtendo-se assim, a massa seca (MS). Com isso, o teor relativo de água (TRA) foi calculado de acordo com a seguinte fórmula: $TRA \% = (MF - MS) \times 100 / (MT - MS)$.

6.3.6 Pigmentos fotossintéticos

Os pigmentos fotossintetizantes foram extraídos de discos foliares após incubação com dimetilsulfoxido (DMSO) saturado com carbonato de cálcio ($CaCO_3$). O meio de incubação foi armazenado ao abrigo da luz, durante 48 h. Decorrido esse período, procederam-se leituras de absorbância a 663, 645 e 480 nm e as concentrações de clorofila *a*, *b* e carotenoides foram calculadas utilizando as equações desenvolvidas por Wellburn (1994).

6.3.7 Vazamento de eletrólitos (VE)

O vazamento de eletrólitos (integridade celular) foi determinado conforme metodologia descrita por Shanahan e colaboradores (1990). Para isso, cinco discos foliares foram incubados em tubos de ensaio contendo 10 mL de água desionizada. Os tubos permaneceram sob agitação suave a 25 °C, durante 24 h. Após esse período, foi determinada a condutividade elétrica (CE) da solução (CE1). Em seguida, os tubos foram incubados a 100 °C em banho-maria, por 1 h, e, após atingir temperatura ambiente, foi novamente determinada a CE da solução (CE2). Os danos de membrana (DM), expressos em percentagem, foram estimados de acordo com a seguinte fórmula: $DM = (CE1/CE2) \times 100$.

6.3.8 Peroxidação de lipídeos e enzimas antioxidantes

Os extratos para determinação da peroxidação de lipídeos e atividade das enzimas antioxidantes foram preparados a partir da homogeneização de 1,5 g de material fresco de folhas com tampão fosfato a 50 mM pH 8, contendo EDTA a 0,1 mM. O homogenato foi centrifugado a 12.000 × g, durante 15 min, a 4 °C, sendo o sobrenadante coletado e armazenado a -20 °C para posterior análise.

6.3.8.1 Peroxidação de lipídeos

A peroxidação de lipídios de membranas celulares foi mensurada através da quantificação dos teores malondialdeído (MDA), utilizando o método de substâncias reativas ao ácido tiobarbitúrico (TBARS) (HEATH; PACKER, 1968). Alíquotas de 0,5 mL do extrato foram adicionadas a 1,5 mL de TBA (0,5 %) diluído em TCA (ácido tricloroacético) (20 %). O homogenato foi incubado em banho-maria a 90 °C, por 20 min, sendo a reação interrompida em banho de gelo. Posteriormente, as amostras foram centrifugadas a 10.000 × g por 5 min e os sobrenadantes coletados e submetidos a leituras de absorvância a 532 e 600 nm. As concentrações de MDA foram determinadas a partir da subtração das leituras espectrométricas ($A_{532} - A_{600}$), utilizando o coeficiente de extinção molar ($155 \text{ mM}^{-1} \text{ cm}^{-1}$).

6.3.8.2 Dismutase do superóxido

A atividade da dismutase do superóxido (SOD EC 1.15.1.1) foi determinada através da redução fotoquímica do azul de *p*-nitrotetrazólio (NBT), conforme descrito

por Giannopolitis e Ries (1977). O ensaio consistiu em uma mistura contendo 25 μL do extrato enzimático, convenientemente diluído, e tampão fosfato monobásico a 50 mM, pH 7,8 (contendo EDTA a 0,1 mM, metionina a 19,5 mM, NBT a 750 μM e riboflavina a 10 μM). O meio de reação foi exposto à luz por 15 minutos. Transcorrido esse tempo, os tubos foram mantidos no escuro e procederam-se leituras de absorbância a 560 nm. Uma unidade de atividade (UA) foi definida como a quantidade de enzima necessária para inibir 50 % da fotoredução do NBT. A atividade da **SOD** foi expressa em UAmg^{-1} prot.

6.3.8.3 *Catalase*

Para os ensaios de atividade da catalase (CAT EC 1.11.1.6), seguiu-se a metodologia de Beers Júnior e Sizer (1952), com modificações. O meio de reação consistiu de uma mistura composta por 50 μL do extrato bruto e tampão fosfato monobásico a 100 mM, pH 7,0, contendo EDTA a 0,1 mM e H_2O_2 a 0,5 M. A atividade da CAT foi mensurada a partir do monitoramento da degradação do H_2O_2 a 240 nm, utilizando o coeficiente de extinção molar de $36 \text{ M}^{-1} \text{ cm}^{-1}$, sendo a atividade expressa em $\mu\text{mol H}_2\text{O}_2 \text{ min}^{-1} \text{ mg}^{-1}$ prot.

6.3.8.4 *Peroxidase de ascorbato*

Os ensaios para a determinação da atividade da peroxidase do ascorbato (APX EC 1.11.1.11) foram conduzidos de acordo com a metodologia descrita por Nakano e Asada (1981). O meio reacional consistiu de uma mistura contendo 25 μL do extrato enzimático com tampão fosfato monobásico a 50 mM, pH 6,0, EDTA a 0,05 mM, ascorbato a 0,015 M e H_2O_2 a 0,03 M. A atividade da APX foi monitorada pela oxidação do ascorbato a 290 nm e quantificada utilizando o coeficiente de extinção molar de $2,8 \text{ mM}^{-1} \text{ cm}^{-1}$. A atividade da APX foi expressa em $\mu\text{mol H}_2\text{O}_2 \text{ min}^{-1} \text{ mg}^{-1}$ prot.

6.3.8.5 *Peroxidase do guaiacol*

A atividade da peroxidase do guaiacol (GPOD EC 1.11.1.9) foi determinada como descrito por Urbanek e colaboradores (1991). O meio de reação consistiu de 50 μL do extrato, tampão fosfato monobásico a 100 mM, pH 7,0, EDTA a 0,1 mM, guaiacol a 0,02 M e H_2O_2 a 0,06 M. A atividade da GPOD foi monitorada a 470 nm a

partir da formação dotetraquaiacol formado, usando o coeficiente de extinção molar de $26.6 \text{ mM}^{-1} \text{ cm}^{-1}$. Os resultados foram expressos em $\mu\text{mol H}_2\text{O}_2 \text{ min}^{-1} \text{ mg}^{-1} \text{ prot.}$

6.3.8.6 Determinação de proteínas solúveis totais

O método de Bradford (1976) foi empregado para determinar a concentração de proteínas nos extratos brutos, tal quantificação foi empregada nos cálculos para determinação das atividades enzimáticas. A $100 \mu\text{L}$ do extrato, convenientemente diluído, foi adicionado $1,0 \text{ mL}$ de uma solução de Coomassie Blue G-250. A mistura foi deixada em repouso por 15 minutos, e em seguida, as concentrações de proteínas foram estimadas através de leituras da absorbância a 595 nm . Albumina sérica bovina (BSA) foi utilizada como proteína padrão para construção de uma curva de calibração.

6.3.8.7 Delineamento experimental e análise de dados

O delineamento experimental foi o inteiramente casualizado, em esquema fatorial 2×4 , consistindo de dois genótipos de sorgo (CSF20 e CSF18) e quatro condições experimentais (controle, salinidade, temperatura elevada e estresse combinado), com três repetições biológicas. Cada repetição biológica foi composta por 3 plantas. Os resultados foram submetidos à análise de variância (ANOVA) e, quando houve diferença significativa, as médias foram comparadas através do teste de Tukey a 5 % de probabilidade, utilizando o programa Sisvar (versão 5.6) (FERREIRA, 2015).

6.4 Experimento 3 - Perfil transcriptômico de plantas de sorgo submetidas aos estresses isolados e combinado de salinidade e temperatura elevada

Essa etapa teve por finalidade identificar mecanismos moleculares envolvidos nas respostas de genótipos de sorgo à exposição isolada ou combinada de estresse salino e temperatura elevada. Os experimentos foram conduzidos de modo idêntico ao descrito nos itens 6.1 e 6.3.1. As coletas foram realizadas após 12 h da aplicação dos tratamentos de estresse.

6.4.1 Extração e avaliação da qualidade do RNA Total

Amostras de tecidos foliares das plantas de todos os tratamentos foram coletadas, congeladas em nitrogênio líquido, e armazenadas a -80°C . O RNA total foi extraído utilizando o "kit" "NucleoSpin RNA Plant" (MACHEREY-NAGEL), de acordo com as recomendações do fabricante. Durante a extração, o RNA total foi tratado com DNase (MACHEREY-NAGEL) para eliminar contaminações com DNA genômico. A quantificação do RNA foi realizada através de leituras espectrofotométricas a 260 nm usando o Nanodrop 2000 (Thermo Scientific). Para estimar a pureza do RNA total, utilizou-se a razão de 260/280 nm de absorvância para identificar contaminações por proteínas (valores ideais entre 1,8 a 2), bem como a razão 260/230 nm de absorvância para determinar contaminações por polissacarídeos (valores ideais acima de 2). A integridade do RNA total foi avaliada através de eletroforese em gel de agarose a 1,5 %. A quantidade e qualidade do RNA também foi avaliada através do Bioanalyzer 2100 (*Agilent Technologies*), que fornece valores do RIN (*RNA integrity number*). Os valores RIN são calculados a partir de um algoritmo que leva em consideração as razões 28S:18S, com valor máximo igual a 10. Nesse tipo de análise, quanto maior o valor do RIN, maior a integridade do RNA (SCHROEDER, *et al.*, 2006).

6.4.2 Análise transcriptômica via RNA – seq

6.4.2.1 Preparo das bibliotecas de cDNA e sequenciamento

O sequenciamento das amostras foi feito na empresa CD Genomics (Shirley, NY, USA). Basicamente, o RNA foi purificado a partir de $1\mu\text{g}$ de RNA total, utilizando sondas biotinizadas que se ligam seletivamente aos RNAs ribossômicos e que estão presentes no *Kit TruSeq Stranded Total RNA with Ribo – zero Plant* (Illumina, San Diego, CA, USA). O RNA selecionado foi então fragmentado na presença de tampão de fragmentação 5X (contendo cátions divalentes) e submetido a 94°C por 5 minutos. Posteriormente, a dupla fita de cDNA foi sintetizada usando primers randômicos (N6) e o kit SuperScript Double-Stranded cDNA Synthesis (Invitrogen). Em seguida, adaptadores presentes no kit da Illumina "*TruSeq RNA-seq Sample Preparation v2*" foram ligados em ambas as extremidades dos fragmentos de cDNA para amplificação e sequenciamento do cDNA. Os fragmentos de 300 a 400pb (pares de bases), correspondentes ao cDNA ligado aos adaptadores, foram

separados dos adaptadores não ligados através de eletroforese em gel de agarose a 2 %.

A qualidade das bibliotecas foi avaliada através do Bioanalyzer 2100, por meio do uso do *kit Agilent DNA 1000* (Agilent Technologies). As bibliotecas de cDNA foram enriquecidas através de 15 ciclos de PCR de ponte em fase sólida, reunidas em concentração equimolar, e sequenciadas através da plataforma *Illumina HiSeq2000* usando o *Kit Truseq SBS (v3)* (Illumina, San Diego, CA, USA), de acordo com as instruções do fabricante. A estratégia empregada foi a de sequenciamento a partir de ambas as extremidades (*paired-end*) com fragmentos de 2 × 150 pares de bases.

6.4.2.2 Análises de bioinformática

6.4.2.2.1 Análise das sequências e mapeamento

Inicialmente, as sequências provenientes do sequenciamento (*reads*) foram avaliadas qualitativamente através do programa *FastQC* (ANDREWS, 2010). As sequências contendo bases nucleotídicas de baixa qualidade (*Phred score* menor que 20) foram filtradas por meio do programa *Trimmomatic* (BOLGER *et al.*, 2014) e eliminadas das etapas posteriores. Já as sequências (*reads*) compostas de bases nucleotídicas com alta qualidade foram selecionadas e alinhadas contra o genoma de referência do sorgo (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genome/?term=sorghum+bicolor>) através das ferramentas TopHat (<http://tophat.cbcb.umd.edu/>) (TRAPNELL *et al.*, 2009) e Bowtie (<http://bowtie-bio.sourceforge.net/index.shtml>) (LANGMEAD *et al.*, 2009). O TopHat é um mapeador do tipo *splice junction*, que usa o programa “Bowtie aligner” para alinhar as leituras ao genoma de referência. Através desse programa (TopHat) é possível identificar e resolver possíveis *splicing* alternativos.

6.4.2.2.2 Mensuração dos níveis de expressão e identificação dos genes diferencialmente expressos (GDEs)

Após mapeamento, foram gerados arquivos com contagens das *reads* (arquivo *counts*) para cada gene, os quais foram filtrados quanto ao número de contagens pelo método de CPM (*contagens por milhão*). Nessa ocasião, os genes que apresentaram contagens baixas (< 1,0) em pelo menos duas das oito bibliotecas

foram removidos das análises subsequentes. Por fim, as contagens foram normalizadas através do método TMM (*Trimmed Mean of M-values*) (ROBINSON; OSHLACK, 2010).

Em seguida, os níveis de expressão e a análise dos GDEs foram determinados através do pacote do Cufflinks v2.0.2(<http://cufflinks.cbcb.umd.edu/>) (TRAPNELL *et al.*, 2009), o qual inclui as ferramentas Cufflinks (utilizada para montagem de transcritos e normalização dos níveis de expressão), Cuffmerge (empregada na montagem do transcriptoma final) e Cuffdiff (usada para calcular os níveis de expressão diferencial). O pacote Cufflinks usa o método de contagem de fragmentos por kilobase de transcrito por milhão de fragmentos mapeados (FPKM) (TRAPNELL *et al.*, 2009). Durante as análises, o *p-value* menor que 0,05 foi utilizado na ferramenta Cuffdiff para inferir os genes diferencialmente expressos. Por fim, a tabela de contagem contendo os valores de FPKM dos GDEs identificados foi usada para a construção dos *MA plots* e diagramas de *Venn* utilizando o *software R v. 3.3.2* (ROBINSON, *et al.*, 2010).

6.4.2.2.3 Anotação dos genes diferencialmente expressos (GDEs)

Os genes diferencialmente expressos (GDEs) foram anotados por meio de buscas com a ferramenta BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*; (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/Blast.cgi>) (ALTSCHUL *et al.*, 1997) utilizando os seguintes bancos de dados de proteínas: *non-redundant protein sequences* (nr) e *reference proteins* (refseq-protein). Para os transcritos ainda não identificados foram feitas buscas adicionais nos seguintes bancos de transcritos: *Expressed Sequence Tags* (ESTs), *Transcriptome Shotgun Assembly* (TSA) e *Reference RNA sequence* (Refseq-RNA).

Os GDEs foram classificados, de acordo com a Ontologia Gênica (GO), nas categorias componente celular, processo biológico e função molecular através do programa *GO seq* (v. 1.24.0) (YOUNG *et al.*, 2010), implementado no pacote *R v. 3.3.2*. As categorias do GO enriquecidas (que apresentavam *p-value* < 0,05) foram calculadas utilizando-se a aproximação de *Wallenius* (WALLENIUS, 1963).

As vias metabólicas dos GDEs foram determinadas através do servidor *KAAS* [*KEGG Automatic Annotation Server* (MORIYA *et al.*, 2007; KANEHISA *et al.*, 2000)] (<http://www.genome.jp/tools/kaas/>), usando o método *bidirectional best hit* (BBH). O

KAAS fornece a anotação funcional de genes usando o BLAST contra o banco de dados do *KEGG* (*Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes*). O KAAS fornece o *KO* (*KEGG Orthology*), que é um identificador automatizado, usado para identificar as propriedades funcionais e os papéis biológicos dos GDEs (MORIYA *et al.*, 2007).

6.4.3 Validação dos dados transcriptômicos através de qPCR

6.4.3.1 Seleção de genes para validação e desenho de primers

Os dados oriundos da análise transcriptômica foram validados utilizando a técnica de qPCR. Inicialmente, foram selecionados os genes que apresentaram expressão diferencial ($\text{Log}_2 \text{fold change} \leq -1 / \geq 1$), os quais foram identificados como cruciais nas respostas de tolerância aos estresses estudados. Vale ressaltar que $\text{Log}_2 \text{fold change} = -1$ ou 1 representam, respectivamente, modulação de expressão negativa e positiva em torno de 2 vezes (ROBINSON; OSHLACK, 2010). Em seguida, *primers* específicos foram desenhados usando as sequências depositadas nos bancos de dados, bem como aquelas provenientes do sequenciamento dos RNAs. Os *primers* para os genes *GTPB*, *UBC 18*, *EF1 α* , *UK*, *EF1 β 2*, *F-box* e *SAND* foram desenhados e analisados empregando as ferramentas “Perl primer” (MARSHALL, 2004) e “oligo analyzer da IDT” (www.idtdna.com/analyzer/Applications/OligoAnalyzer/), respectivamente. Por fim, a estabilidade de expressão para os genes de referência foi investigada através do programa *GeNormv 2.1* (VANDESOMPELE *et al.*, 2002). A **tabela 1** apresenta as sequências dos *primers* empregados no presente estudo.

Tabela 1 -Identificação do gene, número de acesso, produto gênico, sequência dos iniciadores, temperatura de anelamento e tamanho do produto amplificado dos genes empregados nas análises de qPCR.

Gene	Número de acesso	Produto gênico	Sequência do <i>primer</i> (5'-3')	Temperatura de anelamento °C	Tamanho do amplicon (pb)
<i>EF1α</i> *	XM_002460814.1	Elongation factor - 1 α	F 5' GTGCGGTGCTCATCATTGAC 3' R 5' TGGCATCCATCTTGTTCAG 3'	59,8	141
<i>EF1β2</i> *	XM_002463134.1	Elongation factor - 1 β 2	F 5' TGAGGCTGAGTGGAGTTACT 3' R 5' AAAAAGGTCAACATCATCGTCG 3'	65	134
<i>Fbox</i> *	XM_002450634.1	F-box protein	F 5' ATGGCATTAAAGTACGCTCGTC 3' R 5' CTGTCACACGATCTGATGGTCC 3'	59,8	181
<i>GTPB</i> *	XM_002441511.1	GTP binding protein	F 5' TGAGTTAGCATTGTCTGGAGCATC 3' R 5' GCCGACGAGTCCATCAATTTCC 3'	57,5	81
<i>SAND</i> *	XM_002459139.1	SAND family protein	F 5' TCAGAGCTGGCAAACATCAG 3' R 5' CAACAACCTGACCATACATGAGC 3'	57,5	121
<i>UBC18</i> *	XM_002464035.1	Ubiquitin-conjugating enzyme 18	F 5' CAGCAAAGCAACGCCCGAC 3' R 5' GGACAATCAGGAAACCCATCAC 3'	59,8	122
<i>UK</i> *	XM_002452867.1	Uridylate kinase	F 5' TGGGTGGCAAGAAAGTTACAGT 3' R 5' CGATCATGGTTCCGTTCTCAG 3'	65	165
<i>bZIP</i>	XM_002451625.1	Basic Leucine Zipper Domain	F 5' CACGGAAGAAACTGAGGCTG 3' R 5' TTCCTTTCTTTCTGCTCCTTTG 3'	65	200
<i>Catalase</i>	XM_002453132.1	Catalase	F 5' GGGAAAGAGGCAGAAGGAGAC 3' R 5' CGTCGCACTTTGAGAGGAG 3'	65	184
<i>Dead box</i>	Sobic.002G071000.1	DEAD box RNA helicase	F 5' ACACAGCAGGAAAGGGAGCA 3' R 5' AGCAGCAACATCAGTCGCC 3'	65	81
<i>HSP23.6-MITO</i>	XM_002438020.1	Mitochondrion-localized small heat shock protein 23.6)	F 5' GCCCAAGATCAAGGACGG 3' R 5' CATCAGAAACGAGTGCCC 3'	55	178

MKK2	Sobic.010G037300.2	Map kinase kinase 2	F 5' GTCTTATTAGATCATCCGTTTCCTC 3' R 5' GAATTGAAGGTGGCGAGTGG 3'	63,6	101
MDAR	Sobic.007G038600.1	Monodehydroascorbate reductase	F 5' CCCTGAAGATGTACGATAGAG 3' R 5' GGATGTTAGGAGAGTTTCTACAC 3'	65	92
PYL4	XM_002465362.1	Abscisic acid receptor PYL4	F 5' ATATGGTTCTGGAAAGCACGA 3' R 5' CGATTGTGTAAGCAGGAGG 3'	63,6	149
RBCS1A	XM_002450259.1	Ribulose bisphosphate carboxylase small chain 1a	F 5' TTCATCGCCTACAAGCCC 3' R 5' AGAAGCAAAGGAACCAACAG 3'	63,6	195
WRKY	XM_002451621.1	WRKY transcription factor	F 5' AAGGATTGACAGACGCATCGG 3' R 5' ATGAACAGAGAAAGCAGCCAG 3'	65	126
CRT1	Sobic.001G025500.1	CALRETICULIN 1	F 5' ACAACCCAGATTTCAAGGAC 3' R 5' CGTACTCAGGGTCATCAGTTATC 3'	65	132

* Genes de referência

Fonte: elaborado pelo autor.

6.4.3.2 Síntese de DNA complementar (cDNA)

Amostras de RNA total com alto grau de pureza e integridade (conforme descrito no item 6.4.1) foram utilizadas para a síntese do DNA complementar (cDNA) utilizando o Kit da IMpromII™ Transcriptase Reverse (Promega, Estados Unidos), de acordo com as instruções do fabricante. O meio de reação consistiu de aproximadamente 1 µg de RNA total, oligodT₂₄, MgCl₂ a 25 mM, dNTPs a 10 mM, tampão de reação 5X, água livre de RNases (Quiagen) e a enzima transcriptase reversa. A reação de síntese da fita complementar foi conduzida a 42 °C, durante 1 hora, seguida de um passo de desnaturação enzimática a 75 °C por 15 minutos. O cDNA obtido foi armazenado a -20 °C para os ensaios posteriores de qPCR.

6.4.3.3 Reações de qPCR e análise dos dados de expressão

Para as reações de qPCR foram utilizados 100 ng do cDNA de cada amostra. A reação de qPCR foi composta pelo cDNA, iniciadores específicos (300 nM cada) e 10 µL de GoTaq qPCR Master Mix (Promega), com volume final de 20 µL. As reações de amplificação foram realizadas através de 40 ciclos térmicos, compostos por 15 s a 95 °C, seguido por um período de 15 s a uma temperatura de anelamento específica para cada iniciador (**Tabela 1**) e, por fim, 20 s a 60 °C. A desnaturação inicial foi realizada a 95 °C por 2 min.

O monitoramento em tempo real da PCR foi realizado em um termociclador RealPlex 4S (Eppendorf®) por meio da detecção dos níveis de fluorescência. As análises dos dados foram realizadas pelo software Realplex. Todas as reações, tanto dos genes alvo quanto dos genes de referência, foram realizadas em triplicatas biológicas e técnicas.

Os níveis de expressão gênica foram determinados utilizando a média dos valores C_t (*Cycle threshold*). Os valores brutos de C_t foram importados para o programa qbase^{plus} (versão 2.4) e convertidos em dados de expressão relativa através do método do fator de normalização (HELLEMANS *et al.*, 2007). Em seguida os dados de expressão relativa foram convertidos em valores de *Log2 fold change*, utilizando a seguinte fórmula: $\text{LOG}(\text{valor de expressão relativa da amostra tratada};2) - \text{LOG}(\text{valor de expressão relativa da amostra controle};2)$.

6.4.4 Delineamento experimental e análise de dados

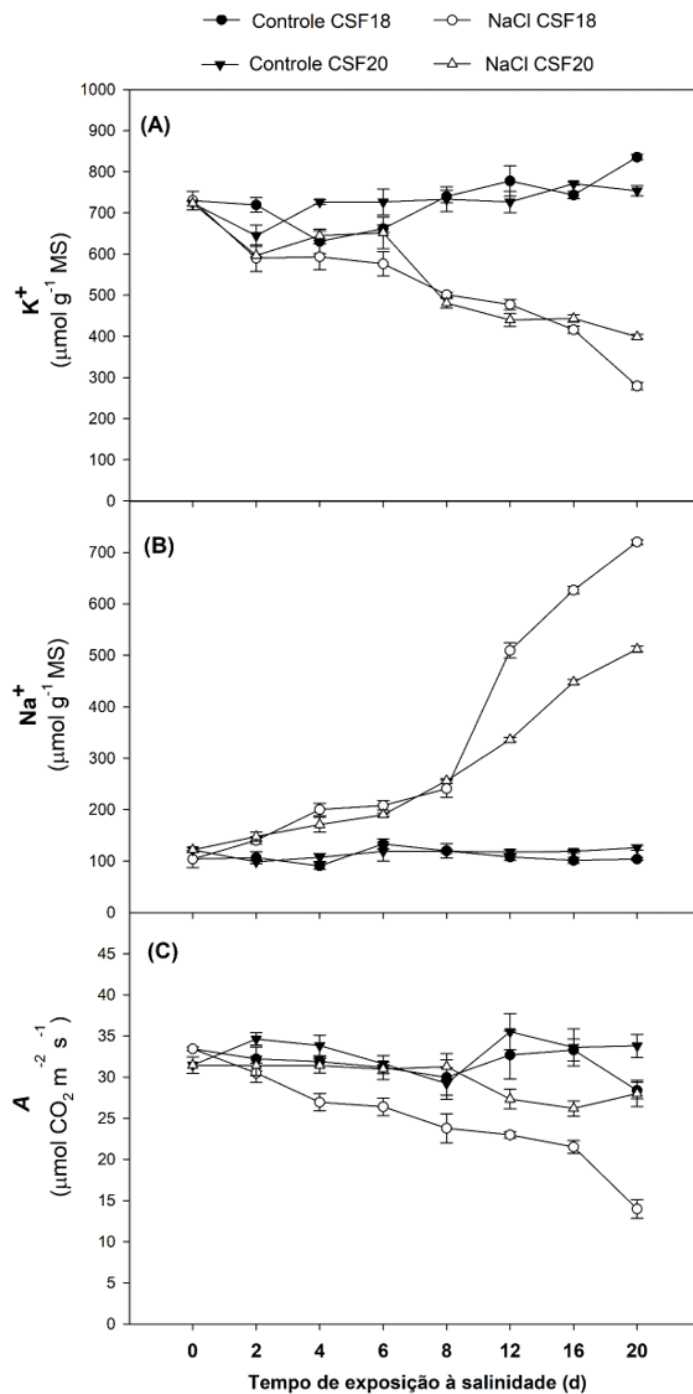
O delineamento experimental foi o inteiramente casualizado, em esquema fatorial 2×4 , consistindo de dois genótipos (CSF20 e CSF18) e quatro condições experimentais (controle, salinidade, temperatura elevada e estresse combinado), com três repetições biológicas. Cada repetição biológica foi composta por 3 plantas. Para abordagem transcriptômica utilizou-se a ferramenta Cuffdiff, considerando $p\text{-value} < 0,05$ para inferência dos GDEs. Já os valores de expressão relativa, gerados por qPCR, foram submetidos a análise de variância (ANOVA), seguida pelo teste de Bonferroni ($p\text{-value} < 0,05$) para inferir o perfil de expressão de cada gene selecionado.

7 RESULTADOS

7.1 Seleção do período experimental para estudos com plantas de sorgo sob estresses isolados e combinados de salinidade e temperatura elevada

Os dados de acúmulo de íons e de fotossíntese líquida de plantas de sorgo submetidas ao estresse salino é apresentado na **figura 1**. De modo geral, na ausência de estresse, os teores dos íons K^+ e Na^+ e as taxas de fotossíntese líquida apresentaram valores similares nas plantas de ambos os genótipos de sorgo, CSF18 e CSF20 (**Figura 1**). O estresse salino reduziu significativamente os teores de K^+ nas folhas das plantas de sorgo; contudo, com o aumento da exposição ao estresse (20 dias), os decréscimos foram mais acentuados no genótipo CSF18 (**Figura 1A**). Já os teores de Na^+ foram aumentados drasticamente pela exposição aos sais, sendo os incrementos mais severos nas folhas das plantas do genótipo CSF18, principalmente após 12 dias de tratamento salino (**Figura 1B**). Plantas do genótipo CSF18 mostraram decréscimos significativos na fotossíntese líquida desde o quarto dia de estresse, que foram progredindo com o andamento do experimento, sendo as reduções de 15, 15, 21, 30, 32 e 51 % após 4, 6, 8, 12, 16 e 20 dias, respectivamente, em relação ao controle (**Figura 1C**). Por outro lado, plantas CSF20 só apresentaram reduções significativas na fotossíntese líquida após 12 dias de estresse salino com NaCl a 100 mM. Sob condições de salinidade, as taxas de fotossíntese líquida das plantas do genótipo CSF20 foram 31, 19, 21 e 100 % superiores àquelas do genótipo CSF18, após 8, 12, 16 e 20 dias de tratamento, respectivamente (**Figura 1C**).

Figura 1. Teores de K^+ (**A**), Na^+ (**B**) e fotossíntese líquida (**A**)(**C**) em folhas de *Sorghum bicolor*, genótipos CSF18 (sensível à salinidade) e CSF20 (tolerante à salinidade), ao longo de 20 dias de cultivo em solução nutritiva, na ausência (controle) e presença de NaCl a 100 mM (estresse). Os dados representam a média de três repetições \pm erro padrão. Em cada tempo de análise e dentro de cada comparação (CONT20 \times SAL20, CONT18 \times SAL18, CONT20 \times CONT18 ou SAL20 \times SAL18), os símbolos *ns* e * representam diferenças não significativa e significativa, respectivamente, de acordo com o teste de Tukey a 5 % de probabilidade.



	Teor de K ⁺			
	CONT20 * SAL20	CONT18 * SAL18	CONT20 * CONT18	SAL20 * SAL18
0d	-	-	<i>ns</i>	-
2d	<i>ns</i>	*	*	<i>ns</i>
4d	*	<i>ns</i>	*	<i>ns</i>
6d	<i>ns</i>	*	<i>ns</i>	<i>ns</i>
8d	*	*	<i>ns</i>	<i>ns</i>
12d	*	*	<i>ns</i>	*
16d	*	*	<i>ns</i>	<i>ns</i>
20d	*	*	*	*

	Teor de Na ⁺			
	CONT20 * SAL20	CONT18 * SAL18	CONT20 * CONT18	SAL20 * SAL18
0d	-	-	<i>ns</i>	-
2d	*	*	<i>ns</i>	<i>ns</i>
4d	*	*	<i>ns</i>	<i>ns</i>
6d	*	*	<i>ns</i>	<i>ns</i>
8d	*	*	<i>ns</i>	<i>ns</i>
12d	*	*	<i>ns</i>	*
16d	*	*	<i>ns</i>	*
20d	*	*	<i>ns</i>	*

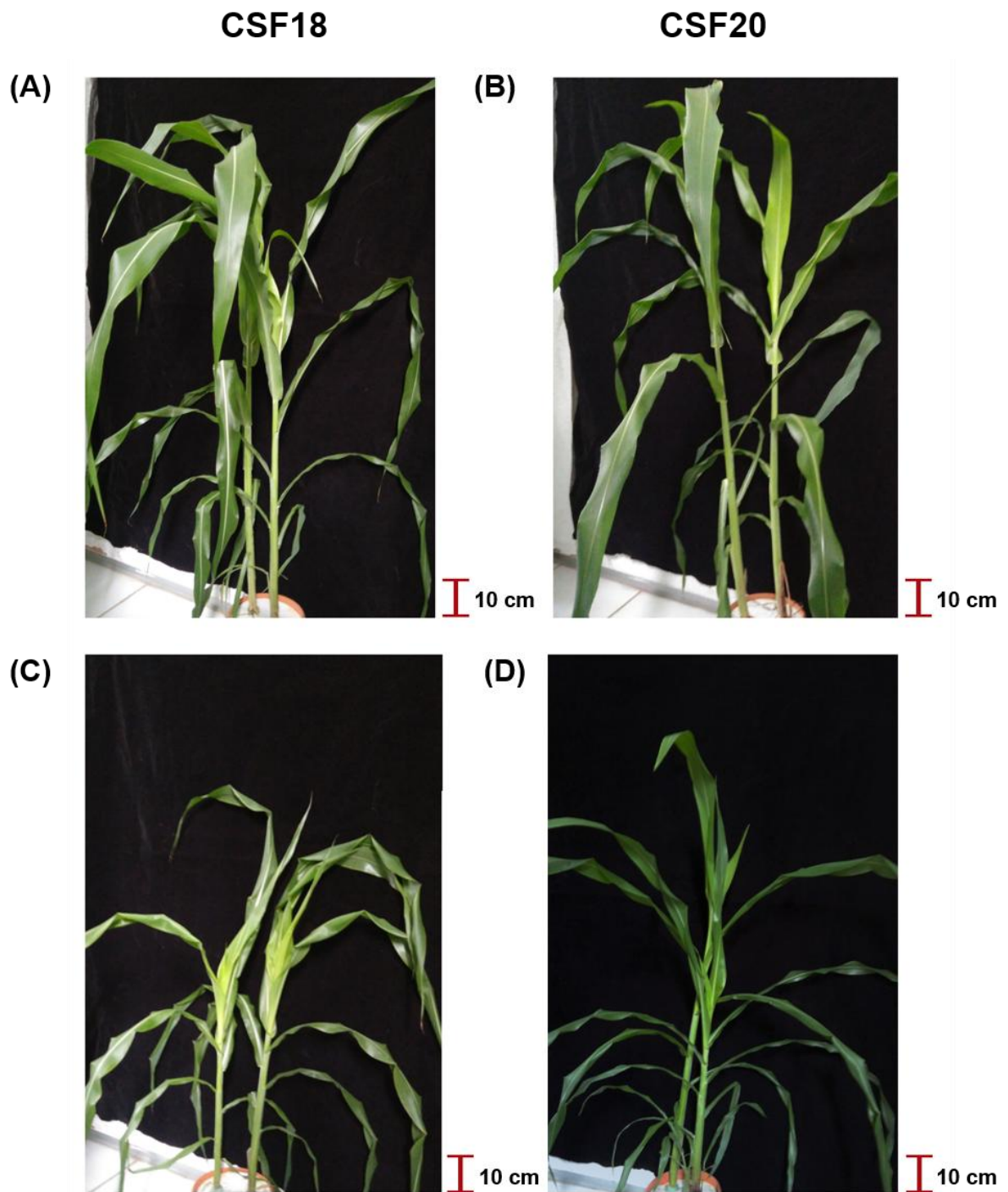
	Fotossíntese líquida (A)			
	CONT20 * SAL20	CONT18 * SAL18	CONT20 * CONT18	SAL20 * SAL18
0d	-	-	<i>ns</i>	-
2d	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>	<i>ns</i>
4d	<i>ns</i>	*	<i>ns</i>	*
6d	<i>ns</i>	*	<i>ns</i>	*
8d	<i>ns</i>	*	<i>ns</i>	*
12d	*	*	<i>ns</i>	*
16d	*	*	<i>ns</i>	*
20d	*	*	*	*

Fonte: elaborado pelo autor.

A **Figura 2** mostra o aspecto visual das plantas de sorgo dos genótipos CSF18 e CSF20, cultivados na ausência e presença de NaCl a 100 mM, após 12 dias de tratamentos. O genótipo CSF18 apresentou menor crescimento frente ao estresse salino quando comparado ao genótipo CSF20. Essa afirmação é corroborada pelos dados de massa seca da parte aérea (MSPA), das raízes (MSR) e total (MST) (**Figura 3**). Independente do genótipo de sorgo, todos os parâmetros

de crescimento foram afetados pela salinidade durante o período de tempo avaliado, sendo os decréscimos mais proeminentes nas plantas do genótipo CSF18, com reduções médias (médias de 10 e 12 dias de estresse) de 21, 38 e 25 % na MSPA, MSR e MST, respectivamente. Por outro lado, plantas do genótipo CSF20 mostraram reduções médias na MSR e MST de 30 e 7,3 %, respectivamente, comparado ao controle.

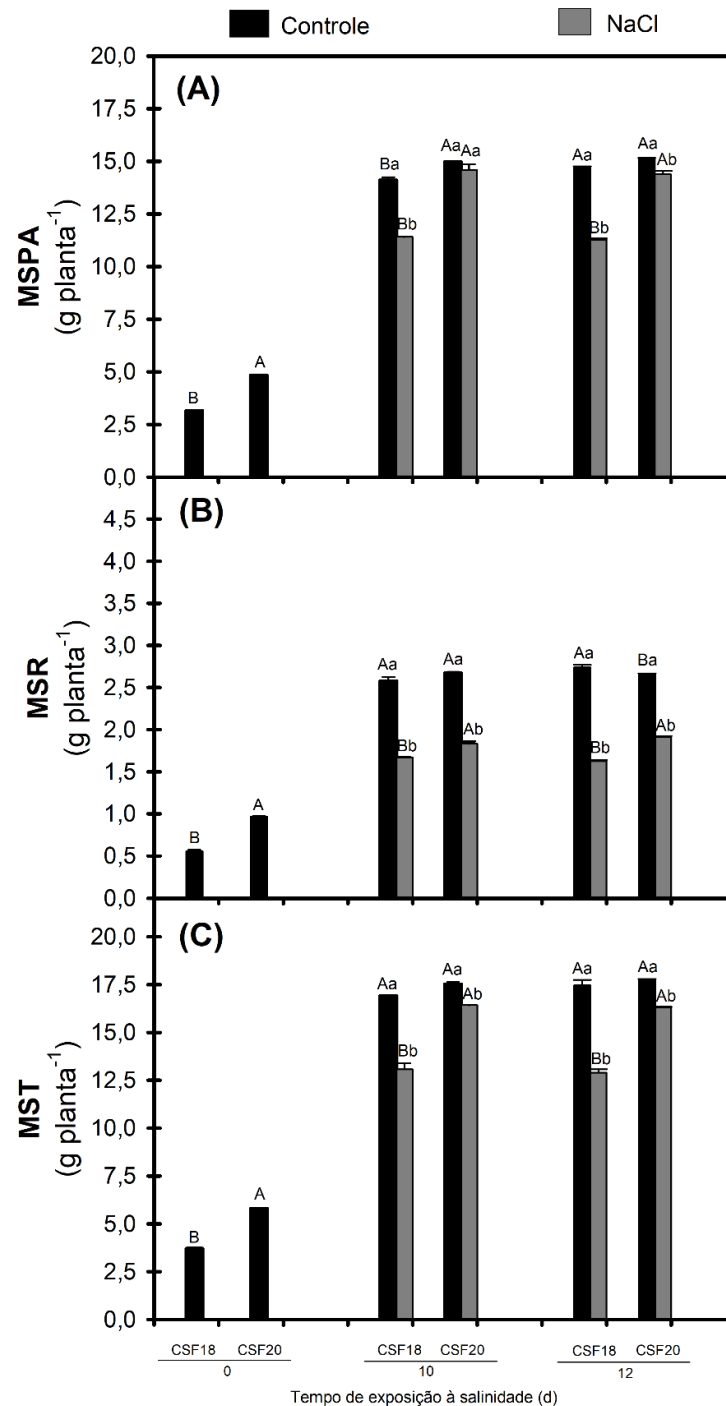
Figura 2. Aspecto visual de plantas de *Sorghum bicolor*, genótipos CSF18 (sensível à salinidade) (**A, C**) e CSF20 (tolerante à salinidade) (**B, D**), após 12 dias de cultivo na ausência (controle) (**A, B**) e presença de NaCl a 100 mM (**C, D**).



Fonte: elaborado pelo autor.

Figura 3. Massa seca da parte aérea (MSPA) (A), raiz (MSR) (B) e total (MST) (C) de plantas de *Sorghum bicolor*, genótipos CSF18 (sensível à salinidade) e CSF20 (tolerante à salinidade), aos 0, 10 e 12 dias de cultivo na ausência (controle) e presença de NaCl a 100 mM (estresse). Em cada tempo de análise, em um mesmo nível de estresse, médias seguidas por letras maiúsculas diferentes representam

diferenças significativas em função do genótipo (CONT20 × CONT18 ou SAL20 × SAL18); ao passo que, em um mesmo genótipo, letras minúsculas diferentes denotam diferenças significativas decorrentes dos tratamentos salinos (CONT20 × SAL20 ou CONT18 × SAL18), de acordo com o teste de Tukey ($p < 0,05$).



Fonte: elaborado pelo autor.

7.2 Indicadores fisiológicos e bioquímicos de tolerância de plantas de sorgo aos estresses abióticos

7.2.1 Eficiência da maquinaria fotossintética

Os parâmetros de trocas gasosas, tais como fotossíntese líquida (**A**), transpiração (**E**) e condutância estomática (g_s), bem como a concentração interna de CO_2 (**Ci**) e a eficiência de carboxilação da Rubisco (**A/Ci**) estão apresentados na **figura 4**. De modo geral, no genótipo CSF18, o estresse salino promoveu reduções significativas nos parâmetros de **A**, **E**, g_s e **A/Ci**, ao passo que aumentou a **Ci**, em ambos os tempos analisados, 12 (11,5 dias de estresse) e 24 h (12 dias de exposição ao NaCl) (**Figura 4A, B, C, De E**). Por outro lado, embora a salinidade tenha reduzido significativamente a **A**, **E**, g_s e **A/Ci** do genótipo CSF20, os efeitos foram menos drásticos que àqueles observados no genótipo CSF18. Vale ressaltar que, sob estresse salino, os valores **A** e **A/Ci** das plantas do genótipo CSF20 foram 84 e 140 % superiores aos do genótipo CSF18, respectivamente, em ambos os tempos de análise (**Figura 4A e D**).

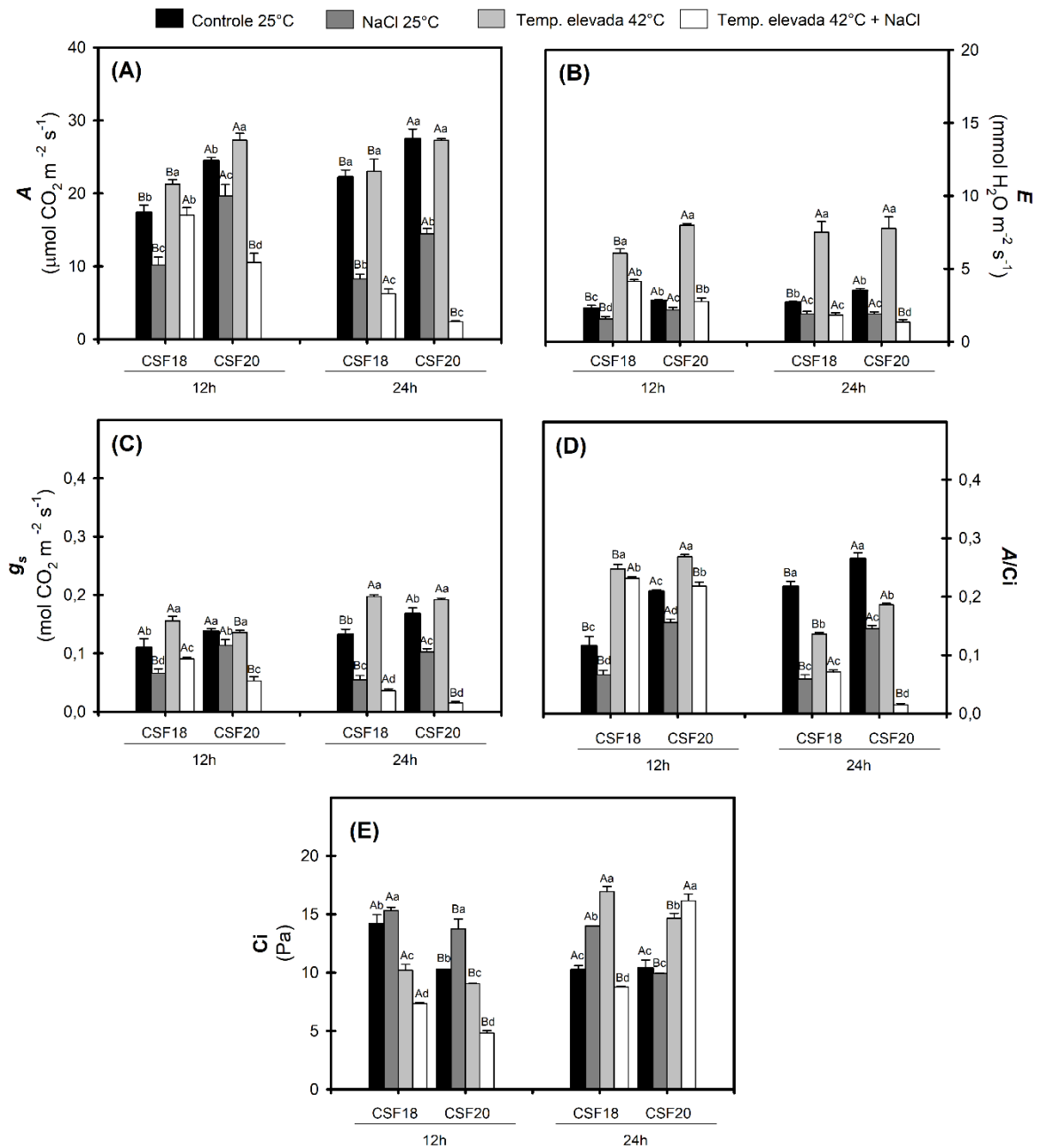
Após 12 h de exposição ao estresse por elevada temperatura, plantas de ambos os genótipos apresentaram incrementos nos parâmetros **A**, **E**, g_s e **A/Ci** (**Figura 4A, B, CeD**) e decréscimos nas concentrações interna de CO_2 (**Ci**) (**Figura 4E**), exceto para a g_s do genótipo CSF20 (**Figura 4C**). Já no segundo tempo de análise (24 h), independente do genótipo de sorgo, o excesso de temperatura promoveu aumentos nas taxas de g_s e **E**; contudo, a fotossíntese líquida permaneceu inalterada. Como consequência, houve incrementos nas concentrações interna de CO_2 , o que levou a reduções na eficiência de carboxilação da Rubisco.

No primeiro tempo de análise, foi observado um resultado interessante, o estresse combinado (salinidade + temperatura elevada) não afetou a fotossíntese líquida nas plantas do genótipo CSF18, enquanto que promoveu decréscimos de 57 % naquelas do genótipo CSF20 (**Figura 4A**). No entanto, independente do genótipo, os parâmetros de g_s e **Ci** mostraram reduções significativas quando comparados ao controle.

Já no segundo tempo de coleta, o estresse combinado restringiu severamente a fotossíntese líquida (**A**) das plantas de sorgo, principalmente no genótipo CSF20, que apresentou reduções de 91 % em comparação ao controle, ao passo que no genótipo CSF18 os decréscimos foram de 72 % (**Figura 4A**). De modo similar, os parâmetros de **E**, g_s e **A/Ci** foram reduzidos pela exposição simultânea à salinidade

e temperatura elevada, sendo os efeitos mais pronunciados no genótipo CSF20 (**Figura 4B, CeD**). Nessas mesmas condições, enquanto que plantas do genótipo CSF18 mostraram leves reduções na **Ci**, aquelas do genótipo CSF20 apresentaram incrementos de 56 % em relação ao controle (**Figura 4E**). Vale ressaltar que, na presença do estresse combinado, os valores de assimilação de CO₂, transpiração, condutância estomática e eficiência de carboxilação da Rubisco foram sempre menores no genótipo CSF20 em relação ao genótipo CSF18, em ambos os tempos analisados, exceto para **Ci** no segundo tempo de coleta (**Figura 4**).

Figura 4. Taxas de fotossíntese líquida (**A, A**), transpiração (**E, B**), condutância estomática (**g_s, C**), eficiência de carboxilação da Rubisco (**A/Ci, D**) e concentração interna de CO₂ (**Ci, E**) de plantas de *Sorghum bicolor*, genótipos CSF18 e CSF20, sob diferentes tratamentos: controle (ausência de estresse, CONT); salinidade (NaCl a 100 mM, SAL); temperatura elevada a 42 °C (TE); e estresse combinado de salinidade e temperatura elevada (COMB). As mensurações foram feitas após 12 (11,5 dias de salinidade) e 12 h (12 dias de salinidade) do início dos tratamentos de temperatura elevada. Em cada tempo de análise, no mesmo nível de estresse, letras maiúsculas diferentes indicam diferenças significativas em função do genótipo; ao passo que, em um mesmo genótipo, letras minúsculas diferentes representam diferenças significativas decorrentes do tratamento de estresse, de acordo com o teste de Tukey a 5 % de probabilidade.



Fonte: elaborado pelo autor.

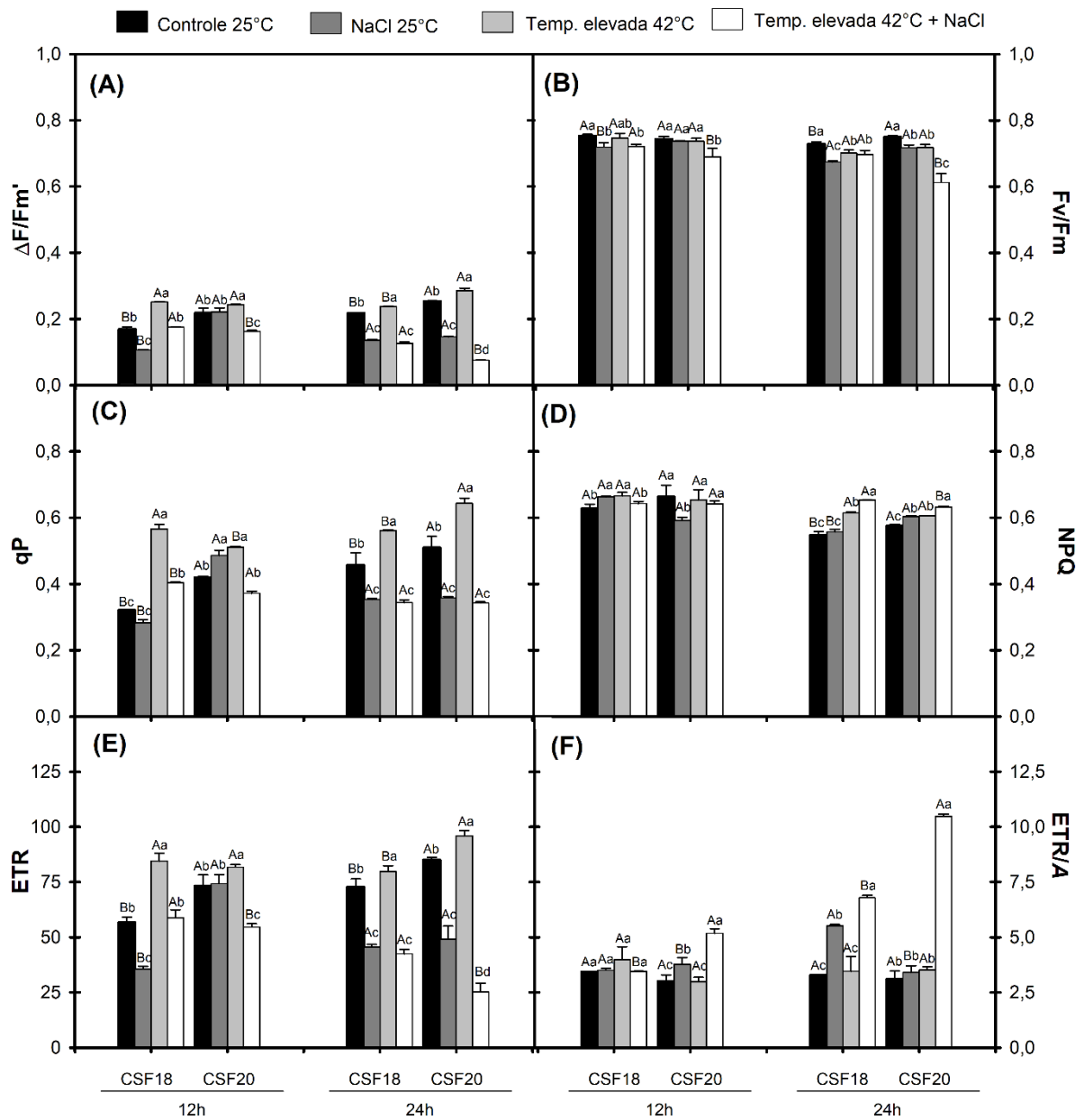
Os parâmetros de fluorescência da clorofila, tais como rendimento quântico efetivo do PSII ($\Delta F/F_m'$), rendimento quântico máximo do PSII (F_v/F_m), dissipação fotoquímica (q_p), dissipação não fotoquímica (NPQ) e taxa de transporte de elétrons (ETR), bem como o ETR/A (indicativo de dreno alternativo de elétrons) são apresentados na **figura 5**. De modo geral, no genótipo CSF18, o estresse salino promoveu decréscimos significativos nos parâmetros de $\Delta F/F_m'$, F_v/F_m , q_p e ETR , em ambos os tempos analisados, 12 e 24 h (**Figura 5A, B, C e E**); enquanto que promoveu incrementos significativos no NPQ , no tempo 12 h, e na relação ETR/A , no

tempo 24 h (**Figura 5D e F**). Contrariamente, no genótipo CSF20, o estresse salino só afetou negativamente os parâmetros de $\Delta F/F_m'$, F_v/F_m , q_p e **ETR** no segundo tempo de análise (**Figura 5A, B, C e E**). Em relação ao **NPQ**, diferentes respostas foram observadas, isto é, redução no tempo 12 h e incrementos no tempo 24 h (**Figura 5D**). Já a relação **ETR/A** das plantas CSF20 apresentaram leves incrementos apenas no primeiro tempo de análise (**Figura 5E**).

Em ambos os genótipos e tempos analisados, o estresse por temperatura elevada aumentou os parâmetros de $\Delta F/F_m'$, q_p , **NPQ** e **ETR**, exceto para o **NPQ** do genótipo CSF20 no tempo 12 h (**Figura 5A, C, D e E**). Por outro lado, independente do genótipo de sorgo, a F_v/F_m sofreu decréscimos após 24 h da imposição do estresse (**Figura 5B**).

No genótipo CSF20, em todos os tempos analisados, o estresse combinado decresceu os valores de $\Delta F/F_m'$, F_v/F_m , q_p e **ETR** (**Figura 5A, B e E**), ao passo que induziu aumentos de 10 % no **NPQ**, apenas no tempo 12 h (**Figura 5C e D**). Em contraste, no genótipo CSF18, a imposição do estresse combinado afetou negativamente os parâmetros $\Delta F/F_m'$, q_p e **ETR**, apenas no tempo 24 h, e nos valores de F_v/F_m em ambos os tempos de análise, além disso, promoveu incrementos de 20 % no **NPQ** no tempo 24 h (**Figura 5A, B, C, D e E**). Interessantemente, enquanto plantas do genótipo CSF20 apresentaram incrementos massivos na relação **ETR/A**, em ambos os tempos analisados (73 e 238 % nos tempos 12 e 24 h, respectivamente), aquelas do genótipo CSF18 mostraram aumentos apenas no tempo 24 h, com valores 107 % superiores aos do controle (**Figura 5F**). É importante destacar que, em termos absolutos, os valores de $\Delta F/F_m'$, F_v/F_m e **ETR** das plantas do genótipo CSF18 sob estresse combinado foram, respectivamente, 68, 14 e 68 % superiores àqueles das plantas CSF20, no segundo tempo de análise (**Figura 5A, B e E**).

Figura 5. Eficiência quântica efetiva ($\Delta F/F_m'$, **A**) e máxima do PSII (F_v/F_m , **B**), dissipação fotoquímica (q_p , **C**) e não fotoquímica (**NPQ**, **D**), taxa de transporte de elétrons (**ETR**, **E**) e indicativo de dreno alternativo de elétrons (**ETR/A**, **F**) de plantas de *Sorghum bicolor*, genótipos CSF18 e CSF20, submetidas a diferentes tratamentos de estresses abióticos. Detalhes adicionais, ver legenda da **figura 4**.



Fonte: elaborado pelo autor.

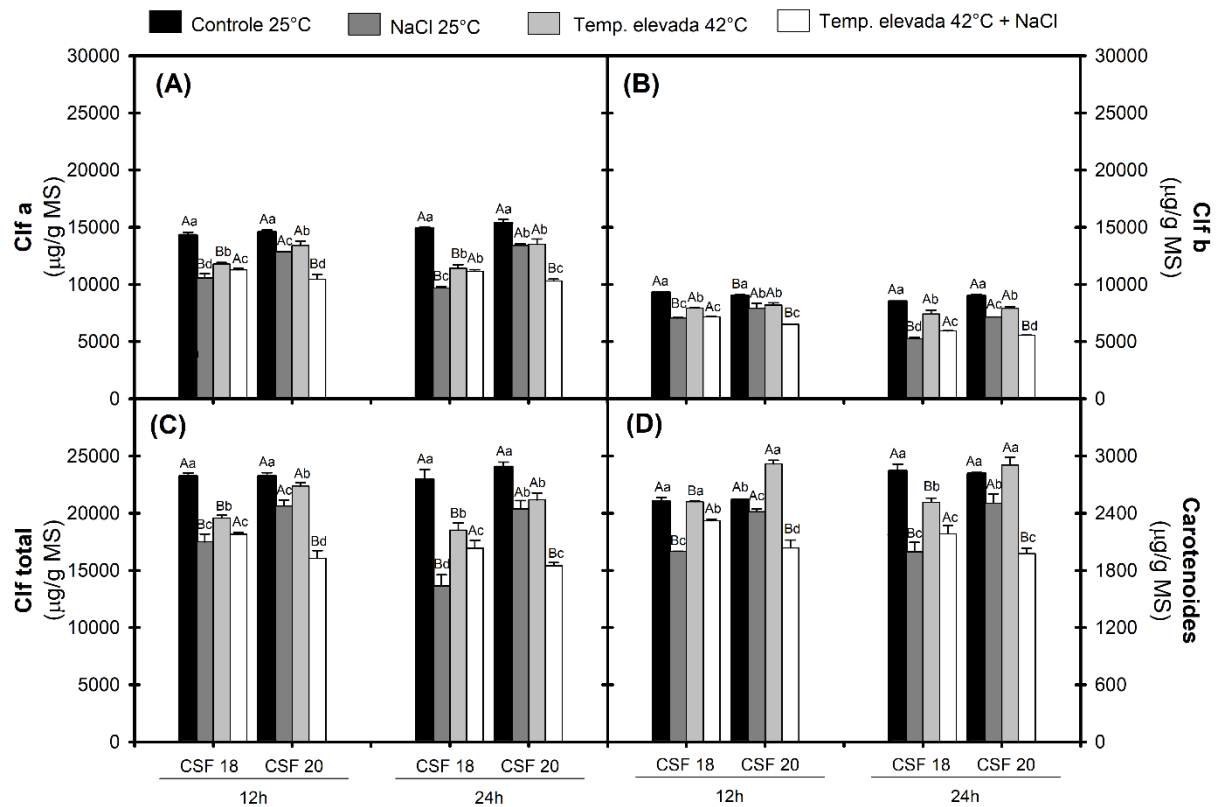
Os teores de clorofila *a*, *b*, *total* e de carotenoides são mostrados na **figura 6**. De modo geral, o estresse salino reduziu significativamente todos os pigmentos fotossintéticos, em ambos os genótipos e tempos analisados, no entanto, os decréscimos foram mais acentuados nas plantas de sorgo CSF18 (**Figura 6**). No segundo tempo de análise (24 h), que corresponde a 12 dias de exposição aos sais, plantas do genótipo CSF18 mostraram reduções nos teores de clorofila *a*, *b*, *total* e carotenoides de 35, 38, 40 e 30 %, respectivamente, ao passo que as do genótipo

CSF20 apresentaram decréscimos de apenas 12, 21, 15 e 11 %, em comparação aos respectivos controles (**Figura 6A, B, C e D**).

No presente estudo, o estresse por temperatura elevada afetou negativamente os teores de clorofila *a*, *b* e *total*, independente do genótipo de sorgo e do tempo de análise (**Figura 6A, B, C e D**). Por outro lado, enquanto plantas do genótipo CSF20 mostraram incrementos nos teores de carotenoides no tempo 12 h, aquelas do CSF18 apresentaram reduções no tempo 24 h(**Figura D**). Em termos absolutos, os valores médios de clorofila *a*, *total* e carotenoides das plantas do genótipo CSF20 foram 16, 14 e 16 %, respectivamente, superiores aos de plantas do genótipo CSF18, em ambos os tempos analisados (**Figura 6A, C e D**).

De modo similar, a exposição simultânea aos estresses salino e temperatura elevada ocasionou decréscimos nos teores de todos os pigmentos fotossintéticos das plantas de sorgo; entretanto, os decréscimos foram mais notáveis no genótipo CSF20 (**Figura 6**). Sob condições de estresse, considerando os dois tempos de análise, os teores de clorofila *a*, *b*, *total* e carotenoides das plantas do genótipo CSF20 foram, em média, 7, 8, 10 e 11 % menores que os de plantas do genótipo CSF18, respectivamente (**Figura 6A, B, C e D**).

Figura 6. Teores de clorofila *a* (**Clf a, A**), *b* (**Clf b, B**), *total* (**Clf total, C**) e de carotenoides (**D**) de plantas de *Sorghum bicolor*, genótipos CSF18 e CSF20, submetidas a diferentes tratamentos de estresses abióticos. Detalhes adicionais, ver legenda da **figura 4**.



Fonte: elaborado pelo autor.

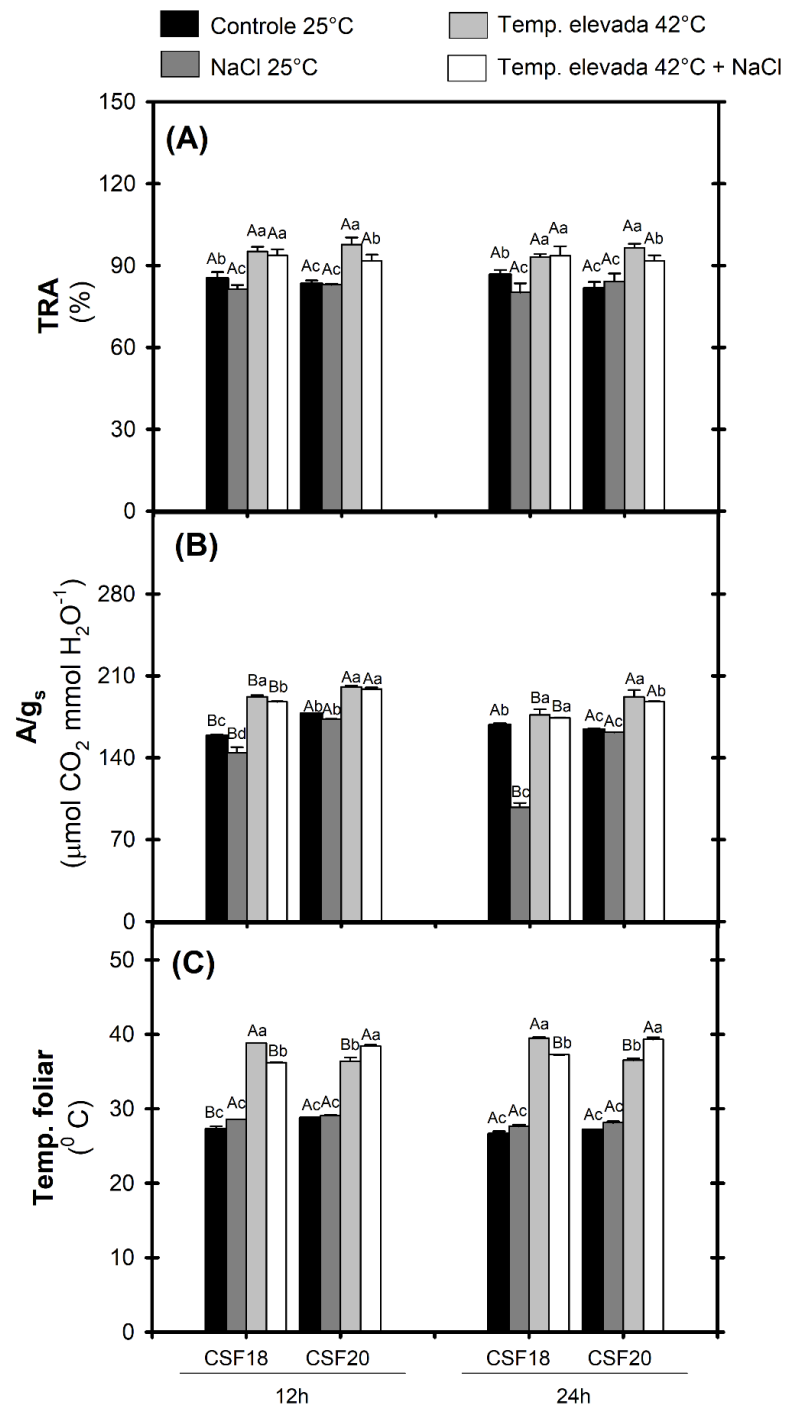
7.2.2 Status hídrico e temperatura foliar

Os dados de teor relativo de água (TRA), eficiência intrínseca do uso da água (A/g_s) e temperatura foliar (TF) são apresentados na **figura 7**. Na presença de NaCl, alterações significativas nos índices de TRA e A/g_s foram registradas apenas nos tecidos das plantas do genótipo CSF18, independente do tempo de coleta (**Figura 7A, B**). Por outro lado, pouca ou nenhuma alteração foi registrada na TF das plantas de sorgo submetidas ao estresse salino, em ambos os genótipos estudados (**Figura 7C**). Já os estresses de temperatura elevada e combinado promoveram incrementos significativos nos parâmetros de TRA, A/g_s e TF, em todos os genótipos e tempos analisados, em comparação aos respectivos controles (**Figura 7**).

Independente do tempo de análise, sob altas temperaturas, os valores de TF das plantas do genótipo CSF20 foram menores que àqueles do genótipo CSF18, enquanto o oposto foi observado sob estresse combinado (**Figura 7C**).

Figura 7. Teor relativo de água (TRA, **A**), eficiência intrínseca do uso da água (A/g_s , **B**) e temperatura foliar (TF, **C**) de plantas de *Sorghum bicolor*, genótipos CSF18 e

CSF20, submetidas a diferentes tratamentos de estresses abióticos. Detalhes adicionais, ver legenda da **figura 4**.



Fonte: elaborado pelo autor.

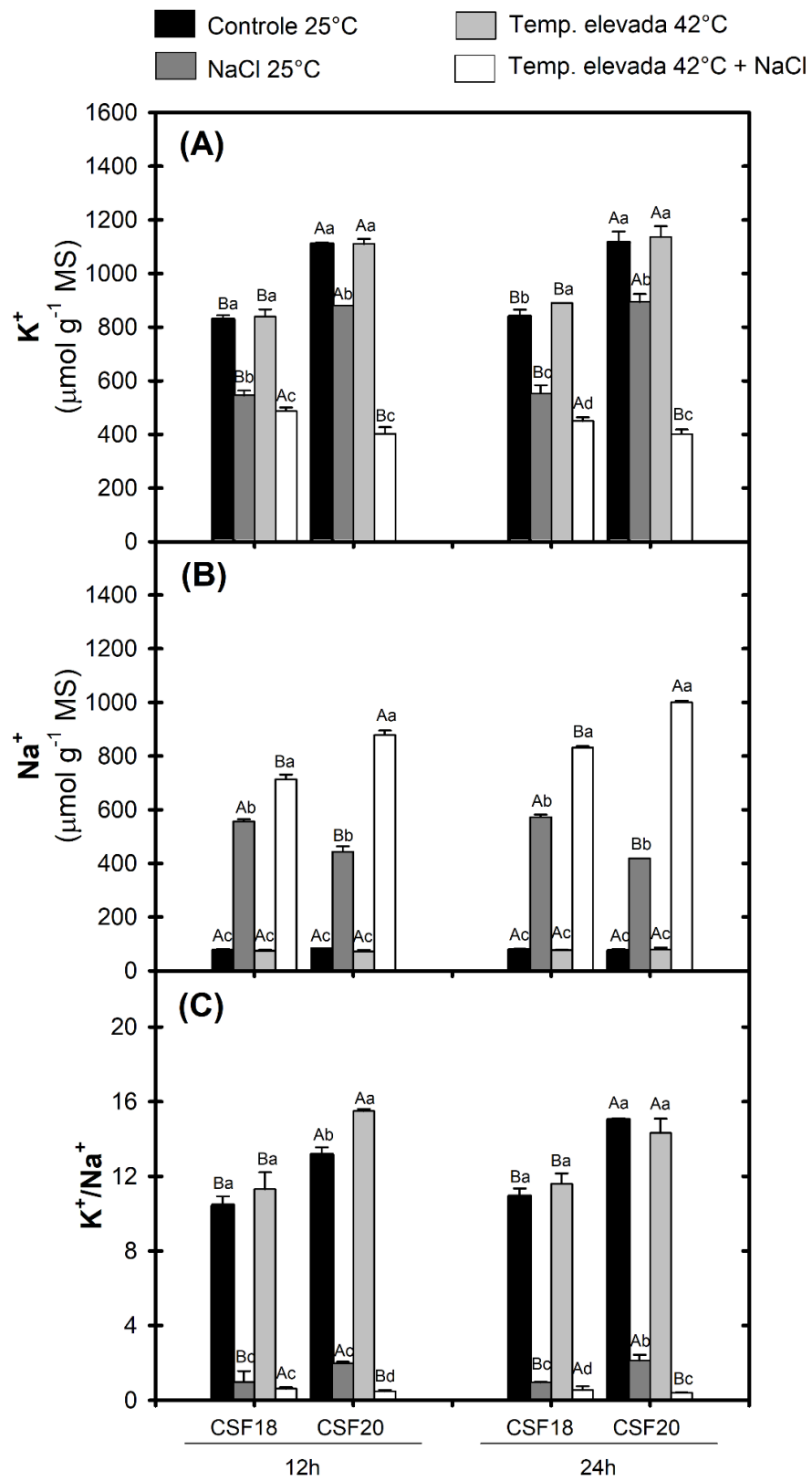
7.2.3 Homeostase iônica

De modo geral, o estresse salino reduziu severamente os teores de K⁺ e aumentou drasticamente o acúmulo de Na⁺ nas folhas das plantas de sorgo, sendo os efeitos mais acentuados no genótipo CSF18, independente do tempo de coleta

(**Figura 8**). Sob estresse salino, os valores médios dos teores de K^+ das plantas CSF20 foram 61 % superiores aos de plantas CSF18, em ambos os tempos de coleta (**Figura 8A**). Vale ressaltar que enquanto os incrementos médios nos teores de Na^+ causados pela salinidade (considerando ambos os tempos) foram da ordem de 624 % no genótipo CSF18, os aumentos no genótipo CSF20 foram de 445 %, em relação aos respectivos controles (**Figura 8B**). Além disso, sob estresse salino, plantas do genótipo CSF18 acumularam 25 e 36 % mais íons Na^+ nos tecidos foliares que às do genótipo CSF20, após 11,5 (12 h) e 12 (24 h) dias de tratamento, respectivamente (**Figura 8B**). Como consequência, embora a relação K^+/Na^+ tenha sido reduzida significativamente pela salinidade, os valores de relação K^+/Na^+ das plantas estressadas do genótipo tolerante (CSF20) foram 102 e 121 % maiores que os de plantas do genótipo CSF18, no primeiro e segundo tempo de análise, respectivamente (**Figura 8C**).

O estresse com temperatura elevada não resultou em alterações significativas na homeostase iônica das plantas de sorgo, independente do genótipo e do tempo de análise. Já sob estresse combinado, curiosamente, o padrão de acúmulo de íons K^+ e Na^+ se mostrou antagônico ao observado para o tratamento salino, pois plantas do genótipo CSF20 acumularam mais Na^+ e menos K^+ , bem como estabeleceram uma menor relação K^+/Na^+ nos tecidos foliares, quando comparadas com plantas do genótipo CSF18 (**Figura 8**).

Figura 8. Teores de K^+ foliar (**A**), teores de Na^+ foliar (**B**) e relação K^+/Na^+ (**C**) de plantas de *Sorghum bicolor*, genótipos CSF18 e CSF20, submetidas a diferentes tratamentos de estresses abióticos. Detalhes adicionais, ver legenda da **figura 4**.

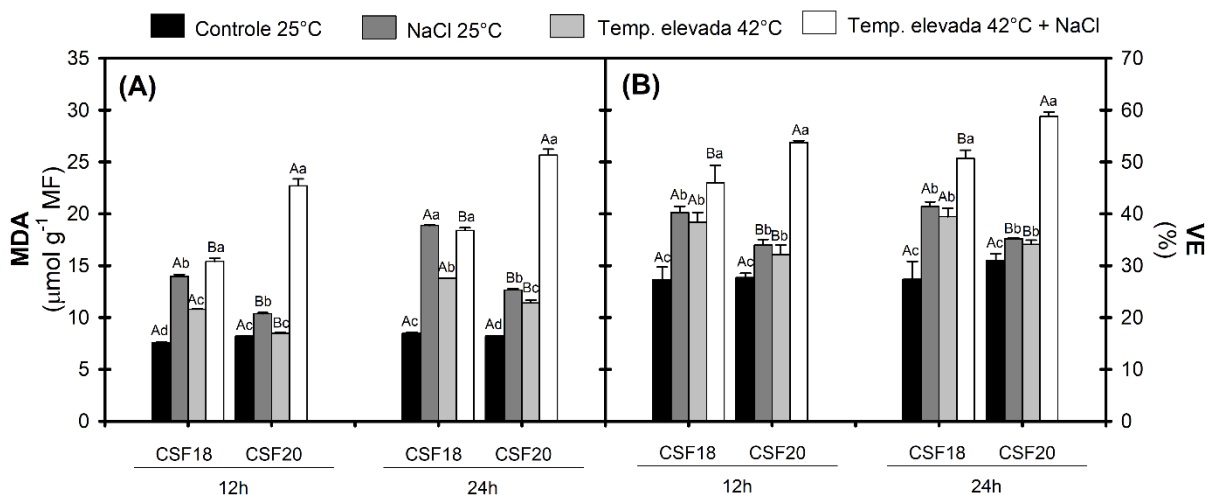


Fonte: elaborado pelo autor.

7.2.4 Danos oxidativos e potencial antioxidante

Os danos oxidativos foram estimados a partir da análise da integridade de membranas/vazamento de eletrólitos (**VE**) e dos teores de malondialdeído (**MDA**). De modo geral, os estresses isolados e combinados de salinidade e temperatura elevada aumentaram os valores de **VE** e **MDA** das plantas de sorgo de ambos os genótipos, independente do tempo analisado (**Figura 9**), exceto para o **MDA** do genótipo CSF20 após 12 h de exposição à alta temperatura. Contudo, a intensidade dos danos oxidativos foi dependente do genótipo e do tipo de estresse. Sob condições de estresse salino e temperatura elevada, isoladamente, plantas do genótipo CSF18 apresentaram maior amplitude de dano oxidativo, pois os valores de **MDA** e **VE** foram muito maiores que os de plantas do genótipo CSF20. Inesperadamente, a situação se inverteu sob estresse combinado, sendo os maiores danos registrados nas plantas do genótipo CSF20, que apresentaram valores médios de **MDA** e **VE**, nos dois tempos de análise, 43 e 16 % superiores aos do genótipo CSF18, respectivamente (**Figura 9A e B**).

Figura 9. Teores de malondialdeído (**MDA**) (**A**) e vazamento de eletrólitos (**VE**) (**B**) de plantas de *Sorghum bicolor*, genótipos CSF18 e CSF20, submetidas a diferentes tratamentos de estresses abióticos. Detalhes adicionais, ver legenda da **figura 4**.



Fonte: elaborado pelo autor.

O potencial antioxidante de plantas de sorgo, frente ao estresse salino, temperatura elevada e ao estresse combinado, foi investigado através da análise das enzimas antioxidantes. Os resultados de atividade da catalase (CAT), peroxidase do ascorbato (APX), peroxidase do guaiacol (GPOD) e dismutase do superóxido (SOD) são apresentadas na **figura 10**. A atividade das enzimas foi modulada diferencialmente em função dos tratamentos de estresse e do genótipo de sorgo.

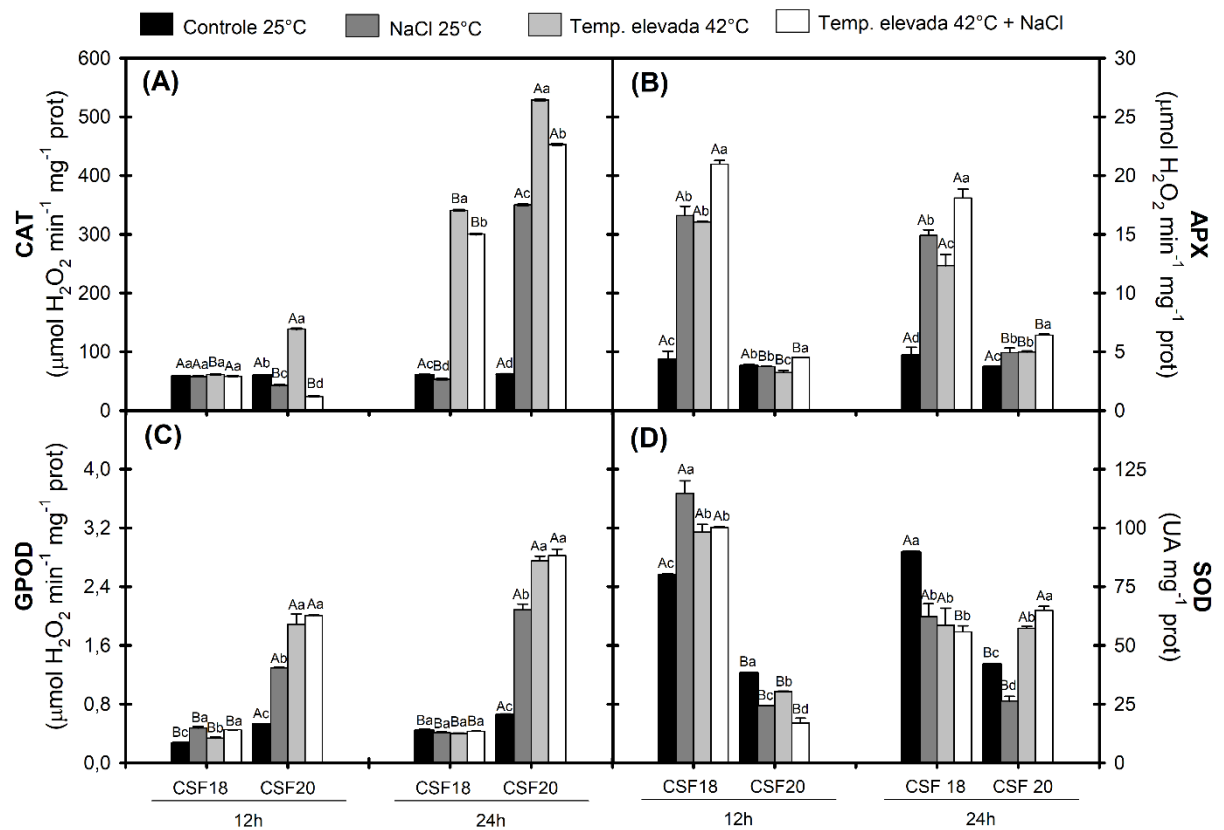
No genótipo CSF18, a APX constituiu a via antioxidante responsiva a todos os tratamentos de estresse, em ambos os tempos analisados (**Figura 10B**); enquanto a SOD foi ativada apenas no tempo 12 h(**Figura 10D**) e a **CAT** foi responsiva aos estresses por temperatura elevada e combinado somente no segundo tempo de coleta (**Figura 10A**). Por outro lado, no genótipo CSF20, a GPOD apresentou uma resposta genótipo/específica, sendo ativada em resposta a todos os estresses abióticos, nos dois tempos de análise (**Figura 10C**); ao passo que a CAT e a APX foram acionadas somente após 24 h dos tratamentos de estresse (exceto para a CAT sob temperatura elevada) (**Figura 10A, B**), e a SOD foi responsiva à temperatura elevada e estresse combinado apenas no tempo 24 h(**Figura 10D**)

Sob estresse salino, a atividade da CAT nas plantas do genótipo CSF20 foi 558 % maior que nas plantas CSF18, no segundo tempo de coleta (**Figura 10A**). Já a atividade da GPOD das plantas CSF20 sob salinidade, foi em média 287 % superior àquela das plantas CSF18, em ambos os tempos de análise (**Figura 10C**). Por outro lado, nessas mesmas condições, plantas do genótipo CSF18 mostraram valores médios de atividade da APX e SOD, respectivamente, 273 e 254 % superiores aos das plantas do genótipo CSF20, nos dois tempos de coleta (**Figura 10B, D**).

Quando expostas à temperatura elevada, plantas do genótipo CSF20 apresentaram valores médios de atividade da CAT e GPOD, respectivamente, 91 e 523 % maiores que plantas do genótipo CSF18, nos dois tempos analisados (**Figura 10A e C**). Em contraste, plantas estressadas do genótipo CSF18 apresentaram atividade da **APX** 396 e 148 % maior que plantas CSF20, no primeiro e segundo tempo de análise, respectivamente (**Figura 10B**).

Já sob estresse combinado, a atividade da GPOD nas folhas das plantas do genótipo CSF20 foi 345 e 556 % superior àquela das plantas CSF18, após 12 e 24 h de exposição ao estresse, respectivamente (**Figura 10C**). Por outro lado, os valores de atividade da APX nas plantas estressadas do genótipo CSF18 foram 363 e 182% maiores que os de plantas do genótipo CSF20, nos tempos 12 e 24 h, respectivamente (**Figura 10B**).

Figura 10. Atividade das enzimas catalase (**CAT, A**), peroxidase do ascorbato (**APX, B**), peroxidase do guaiacol (**GPOD, C**) e dismutase do superóxido (**SOD, D**) de plantas de *Sorghum bicolor*, genótipos CSF18 e CSF20, submetidas a diferentes tratamentos de estresses abióticos. Detalhes adicionais, ver legenda da **figura 4**.



Fonte: elaborado pelo autor.

7.3 Modulação do transcriptoma de plantas de sorgo submetidas aos estresses isolado e combinado de salinidade e temperatura elevada

7.3.1 Processamento dos dados de RNA-seq

7.3.1.1 Checagem das bibliotecas e mapeamento de reads

Bibliotecas de cDNAs foram preparadas a partir de RNA total extraído de folhas de sorgo sob diferentes tratamentos. A análise da quantificação e integridade dos RNAs demonstrou que as amostras apresentaram excelente qualidade (**Dados não mostrados**). As concentrações do RNA total variaram entre 602,1 e 1.571,7 ng/ μ L, ao passo que as relações 260/280 e 260/230 apresentaram valores em torno de 2 e acima de 2, respectivamente. Além disso, os perfis dos géis de agarose a 1,5 % demonstraram que os RNAs estavam íntegros, pois foram visualizadas as bandas do RNA ribossomal referentes às subunidades 18S e 28S (**Dados não mostrados**). Convém salientar que as amostras de RNA foram também avaliadas quantitativa e qualitativamente pela empresa CD genomics (Shirley, NY. USA), utilizando o Bioanalyzer 2100 (*Agilent Technologies*). De modo geral, independente da amostra, os resultados demonstraram que os valores de RIN (*RNA integrity number*) foram maiores que 7, evidenciando que todas as amostras apresentavam RNA íntegro e, portanto, estavam adequadas para a construção de 8 bibliotecas nas condições controle e de estresses dos dois genótipos de sorgo (**Tabela 2**).

O sequenciamento das oito bibliotecas de RNA gerou 86.271.246 *reads* brutas (**Tabela 2**), com quantidades que variaram de 7.447.923 a 17.404.817 *reads* por biblioteca. As *reads* com bases de baixa qualidade foram retiradas das sequências por meio do programa *FastQC*. Ao final das análises, todas as *reads* de cada biblioteca apresentaram *Phred score* maior que 30, e o número total de *reads* (antes 86.271.246) com qualidade foi reduzido para 63.506.284, sendo que 47.448.655 foram mapeadas através dos programas *TopHat* e *Bowtie* (**Tabela 2**).

Tabela 2. Total de *reads* das diferentes bibliotecas de RNA de folhas de plantas de *Sorghum bicolor*, genótipos CSF18 e CSF20, após 12 h* de submissão a diferentes tratamentos de estresses abióticos: controle (CONT), estresse salino (SAL), temperatura elevada (TE) e estresse salino + temperatura elevada (COMB). A terminação 18 corresponde ao genótipo CSF18, enquanto que a terminação 20 é relativa ao genótipo CSF20. Essa descrição é usada durante todo o texto.

Biblioteca	Total de <i>reads</i> por biblioteca**	Total de <i>reads</i> alinháveis***	Total de <i>reads</i> mapeados
CONT20	10.420.323	7.547.038 (72,4 %)	5.648.821 (74,8 %)
SAL20	8.190.082	5.968.636 (72,9 %)	4.462.714 (74,8 %)
TE20	7.447.923	5.461.167 (73,3 %)	4.079.197 (74,7 %)
COMB20	7.524.772	5.552.470 (73,8 %)	4.147.678 (74,7 %)
CONT18	8.446.245	6.272.964 (74,3 %)	4.681.093 (74,6 %)
SAL18	10.969.242	8.196.479 (74,7 %)	6.115.595 (74,6 %)
TE18	15.867.842	11.344.395 (71,5 %)	8.502.542 (74,9 %)
COMB18	17.404.817	13.163.135 (75,6 %)	9.811.013 (74,5 %)
Total	86.271.246	63.506.284 (73,5 %)	47.448.655 (74,7 %)

* Para mais detalhes, ver ítem 6.3.1; **Número de *reads* brutas; *** Número de *reads* com alta qualidade após trimagem utilizando o Trimmomatic

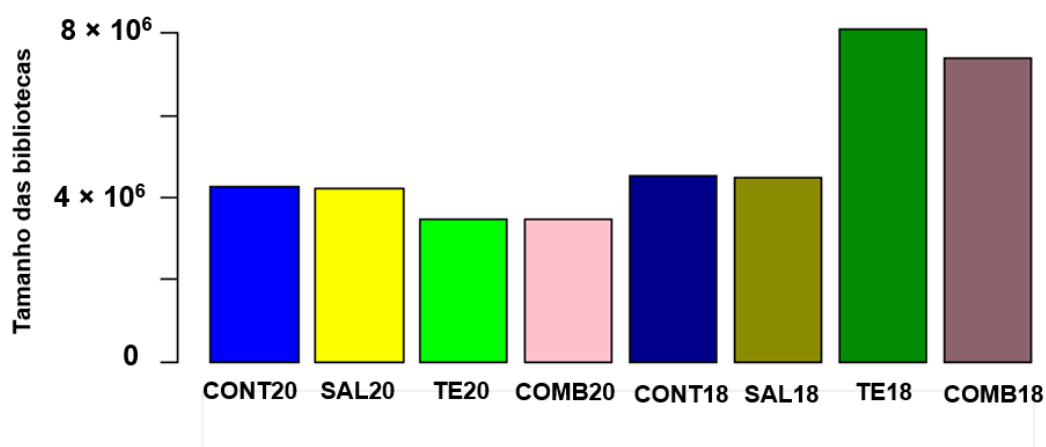
Fonte: elaborado pelo autor.

7.3.1.2 Tamanho e normalização das bibliotecas

Após a filtragem e normalização das *reads* pelos métodos CPM (*contagens por milhão*) e TMM (*Trimmed Mean of M-values*), respectivamente, houve uma redução no tamanho das bibliotecas, como observado na **figura 11A e B**. Por exemplo, o total de *reads* mapeados das folhas do genótipo CSF20, sob condições controle, passou de 5.648.821 (**Tabela 2**) para 4.274.720 (**Figura 11B**). Com isso, as bibliotecas foram padronizadas para posterior análise de expressão diferencial dos genes.

Figura 11. Detalhes das bibliotecas de RNA de folhas de plantas de *Sorghum bicolor*, genótipos CSF18 e CSF20, sob diferentes tratamentos de estresses abióticos: controle (CONT), estresse salino (SAL), temperatura elevada (TE) e estresse salino + temperatura elevada (COMB). **(A)** *Bar plot* mostrando o tamanho de cada biblioteca após filtragem pelo método CPM, **(B)** Tamanho das bibliotecas após filtragem pelo método CPM e normalização pelo método TMM.

(A)



(B)

Biblioteca	Tamanho das bibliotecas	Fatores de normalização
CONT20	4.274.720	0,975
SAL20	4.236.243	0,988
TE20	3.489.062	0,996
COMB20	3.478.001	1,007
CONT18	4.545.093	1,015
SAL18	4.498.812	1,025
TE18	8.083.738	0,950
COMB18	7.372.902	1,043
Média	4.997.321	-

Fonte: elaborado pelo autor.

7.3.2 Análise dos genes diferencialmente expressos (GDEs)

7.3.2.1 Total de genes identificados e número de GDEs

No presente estudo, foi identificado um total de 29.449 genes, dos quais 23.252 foram expressos diferencialmente considerando como ponto de corte somente os valores de $\text{Log}_2 \text{fold change} \geq 1$ ou $\text{Log}_2 \text{fold change} \leq -1$ (**Tabela 3**). Quando a análise foi refinada, empregando como ponto de corte apenas o $p\text{-value} < 0,05$, esse número reduziu para 5.579 GDEs (**Tabela 3**). Assim, os genes com $p\text{-value} < 0,05$ foram considerados como diferencialmente expressos e utilizados nas análises posteriores.

Vale ressaltar que, em cada comparação, os genes foram categorizados como regulados positivamente (*up*) e negativamente (*down*) de acordo com o $\text{Log}_2 \text{fold change}$. Por exemplo, um valor de $\text{Log}_2 \text{fold change}$ positivo, na comparação

controle x NaCl, indica que o gene foi *up* no tratamento com NaCl; enquanto que um valor negativo indica que o gene foi *down* na presença de NaCl.

Tabela 3. Número de genes diferencialmente expressos (GDEs) em função dos diferentes tratamentos de estresse abióticos em plantas de sorgo usando como ponto de corte $\text{Log}_2 \text{fold change} \geq 1$ ou ≤ -1 e $p\text{-value} < 0,05$.

Comparações	$\text{Log}_2 \text{fold change}$		*GDEs			Total
	≥ 1	≤ -1	Up	Down	Induzidos\ reprimidos	
CONT20 x SAL20	723	1342	193	134	45	372
CONT20 x TE20	879	712	171	104	49	324
CSF 20 CONT20 x COMB20	893	763	217	117	50	384
SAL20 x COMB20	979	620	167	139	75	381
TE20 x COMB20	657	896	216	187	57	460
CONT18 x SAL18	615	651	175	194	33	402
CONT18 x TE18	929	1473	164	353	62	579
CSF 18 CONT18 x COMB18	507	1055	89	226	17	332
SAL18 x COMB18	349	317	69	176	10	255
TE18 x COMB18	1813	1815	363	319	78	760
SAL20 x SAL18	934	937	188	236	49	473
CSF 20 x TE20 x TE18	720	993	64	308	39	411
CSF 18 COMB20 x COMB18	636	1044	117	297	32	446
SUB-TOTAL	10634	12618	2193	2790	596	5579
TOTAL	23252		5579			

* $p\text{-value} < 0,05$

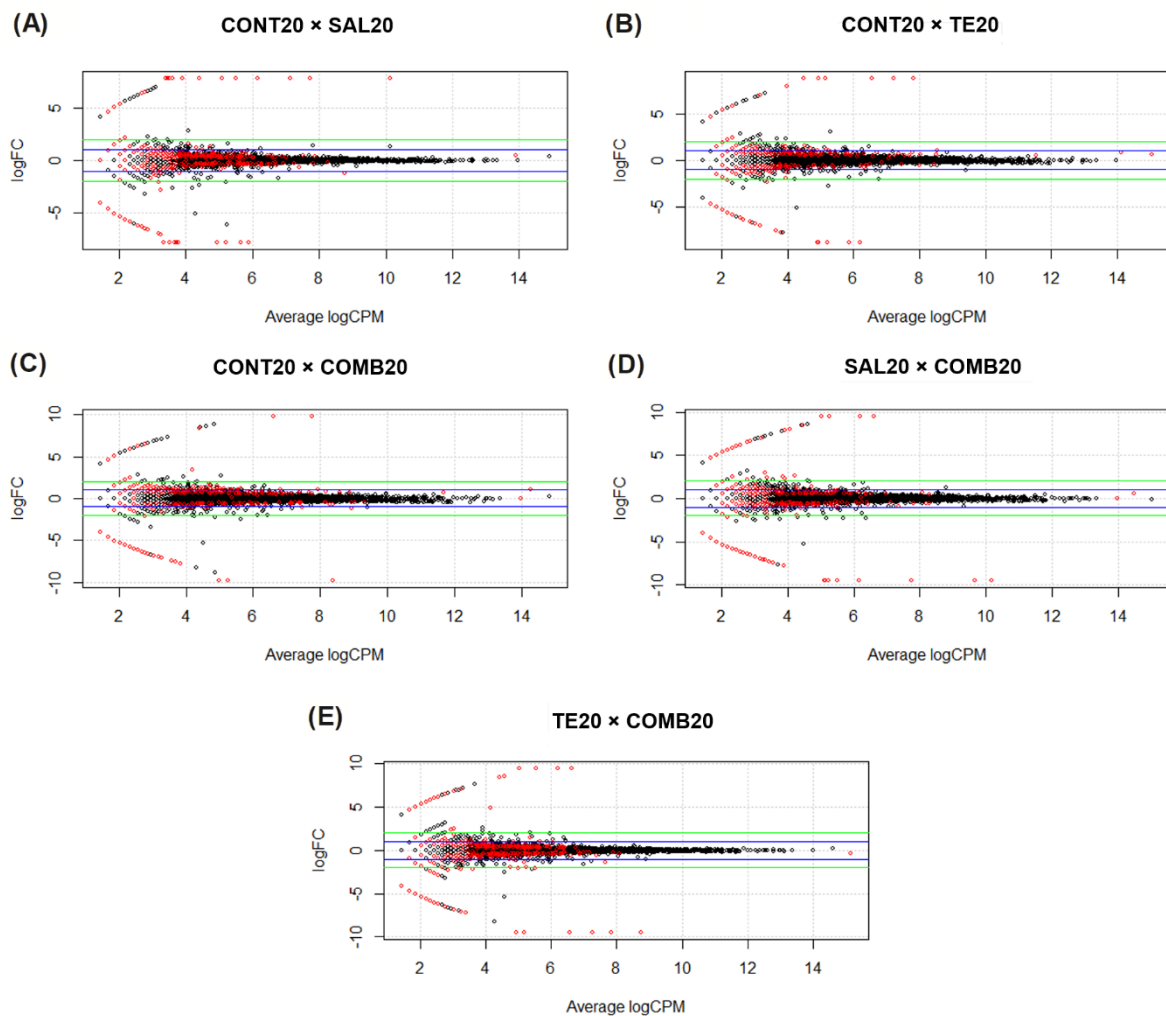
Fonte: elaborado pelo autor.

7.3.2.2 Dispersão dos genes nas diferentes comparações em MA plots

As **Figuras 12, 13 e 14** mostram os *MA plots* dos GDEs (ver **Tabela 3**) nas folhas das plantas de sorgo em função dos diferentes tratamentos. Dentro de cada genótipo, o maior número de GDEs foi encontrado na comparação temperatura elevada (TE) x salinidade + temperatura elevada (COMB) (**Tabela 3 e Figuras 12 e 13**). Já nas comparações entre os genótipos, o maior número de GDEs foi identificada na comparação salinidade (SAL-CSF20) x salinidade (SAL-CSF18) (**Tabela 3 e Figura 14A**).

Figura 12. *MA plots* resultantes da comparação entre o logaritmo da contagem por milhão (logCPM) e o logaritmo de *fold change* (logFC) dos genes diferencialmente expressos (GDEs) nas folhas das plantas de sorgo do genótipo CSF20. Os pontos vermelhos mostram os GDEs ($p\text{-value} < 0,05$), ao passo que os pontos pretos

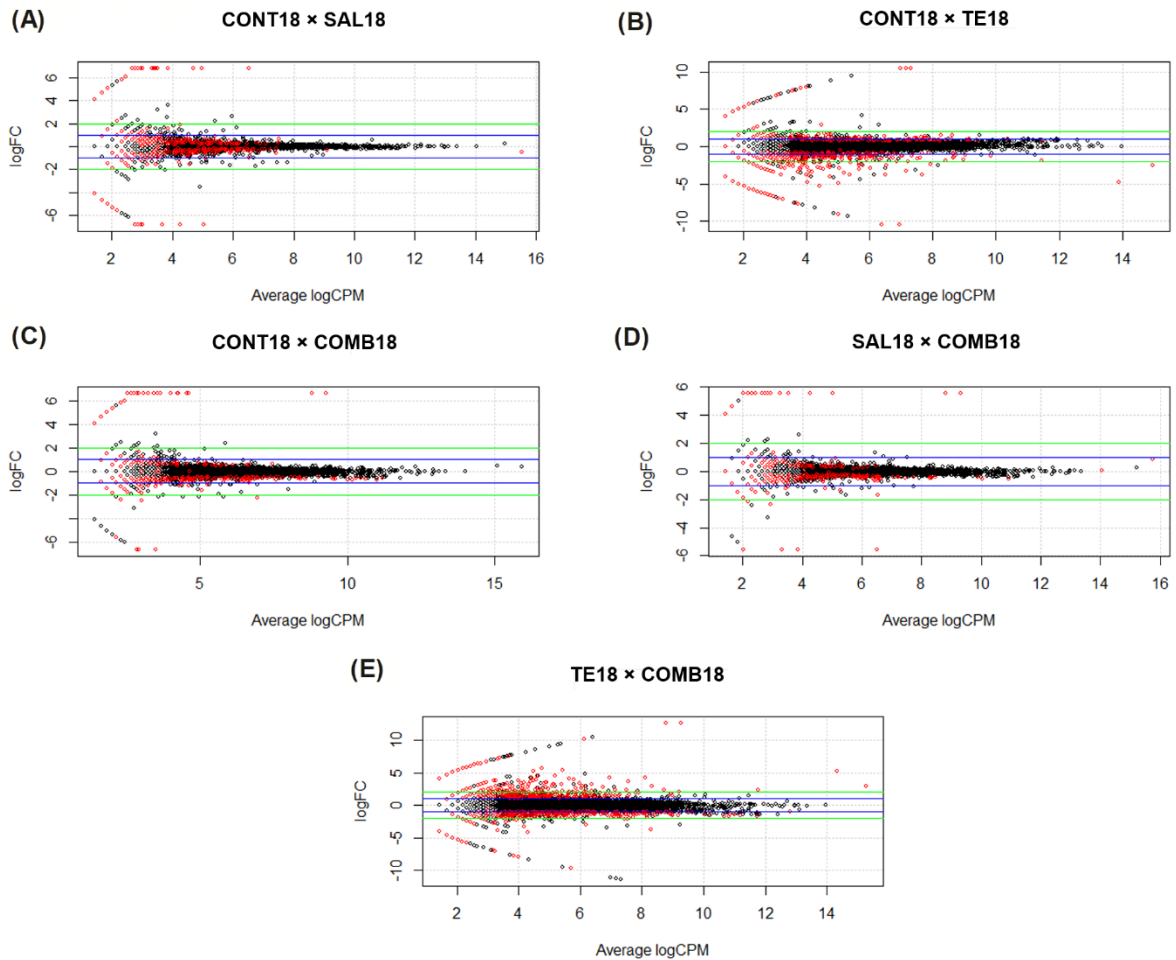
representam genes que não apresentaram modulação significativa ($p\text{-value} > 0,05$). GDEs com $-1 \leq \text{Log}_2 \text{ fold change} \leq 1$ se encontram fora dos limites das linhas azuis, ao passo que os GDEs $-2 \leq \text{Log}_2 \text{ fold change} \leq 2$ estão localizados externamente as linhas verdes. Os GDEs das comparações CONT20 \times SAL20 (Controle \times NaCl), CONT20 \times TE20 (Controle \times Temperatura elevada), CONT20 \times COMB20 (Controle \times NaCl + Temperatura elevada), SAL20 \times COMB20 (NaCl \times NaCl + Temperatura elevada) e TE20 \times COMB20 (Temperatura elevada \times Temperatura elevada + NaCl) são apresentados em (A), (B), (C), (D) e (E), respectivamente.



Fonte: elaborado pelo autor.

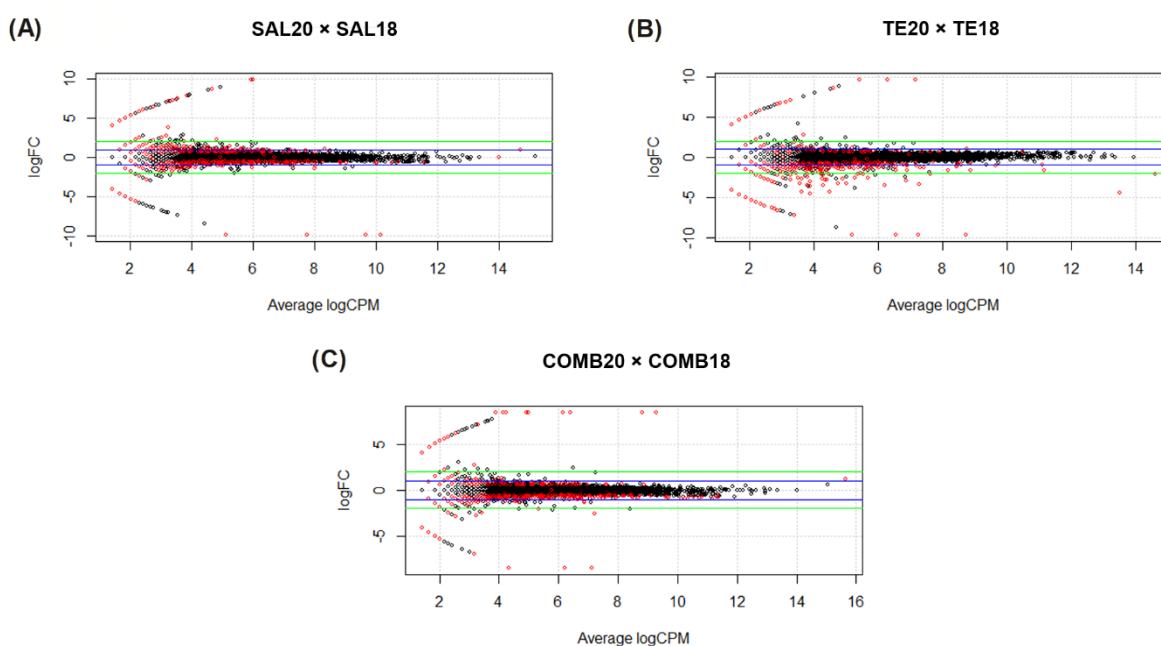
Figura 13. MA plots resultantes da comparação entre o logaritmo da contagem por milhão (logCPM) e o logaritmo de *fold change* (logFC) dos genes diferencialmente expressos (GDEs) nas folhas das plantas de sorgo do genótipo CSF18. Os GDEs

das comparações CONT18 x SAL18 (Controle x NaCl), CONT18 x TE18 (Controle x Temperatura elevada), CONT18 x COMB18 (Controle x NaCl + Temperatura elevada), SAL18 x COMB18 (NaCl x NaCl + Temperatura elevada) e TE18 x COMB18 (Temperatura elevada x Temperatura elevada + NaCl) são apresentados em (A), (B), (C), (D) e (E), respectivamente. Detalhes adicionais, ver legenda da figura 12.



Fonte: elaborado pelo autor.

Figura 14. MA plots resultantes da comparação entre o logaritmo da contagem por milhão (logCPM) e o logaritmo de *fold change* (logFC) dos genes diferencialmente expressos (GDEs) nas folhas das plantas de sorgo do genótipo CSF20 x CSF18. Os GDEs das comparações SAL20 x SAL18 (NaCl20 x NaCl18), TE20 x TE18 (Temperatura elevada20 x Temperatura elevada18) e COMB20 x COMB18 (NaCl + Temperatura elevada20 x NaCl + Temperatura elevada18), são apresentados em (A), (B) e (C), respectivamente. Detalhes adicionais, ver legenda da figura 12.



Fonte: elaborado pelo autor.

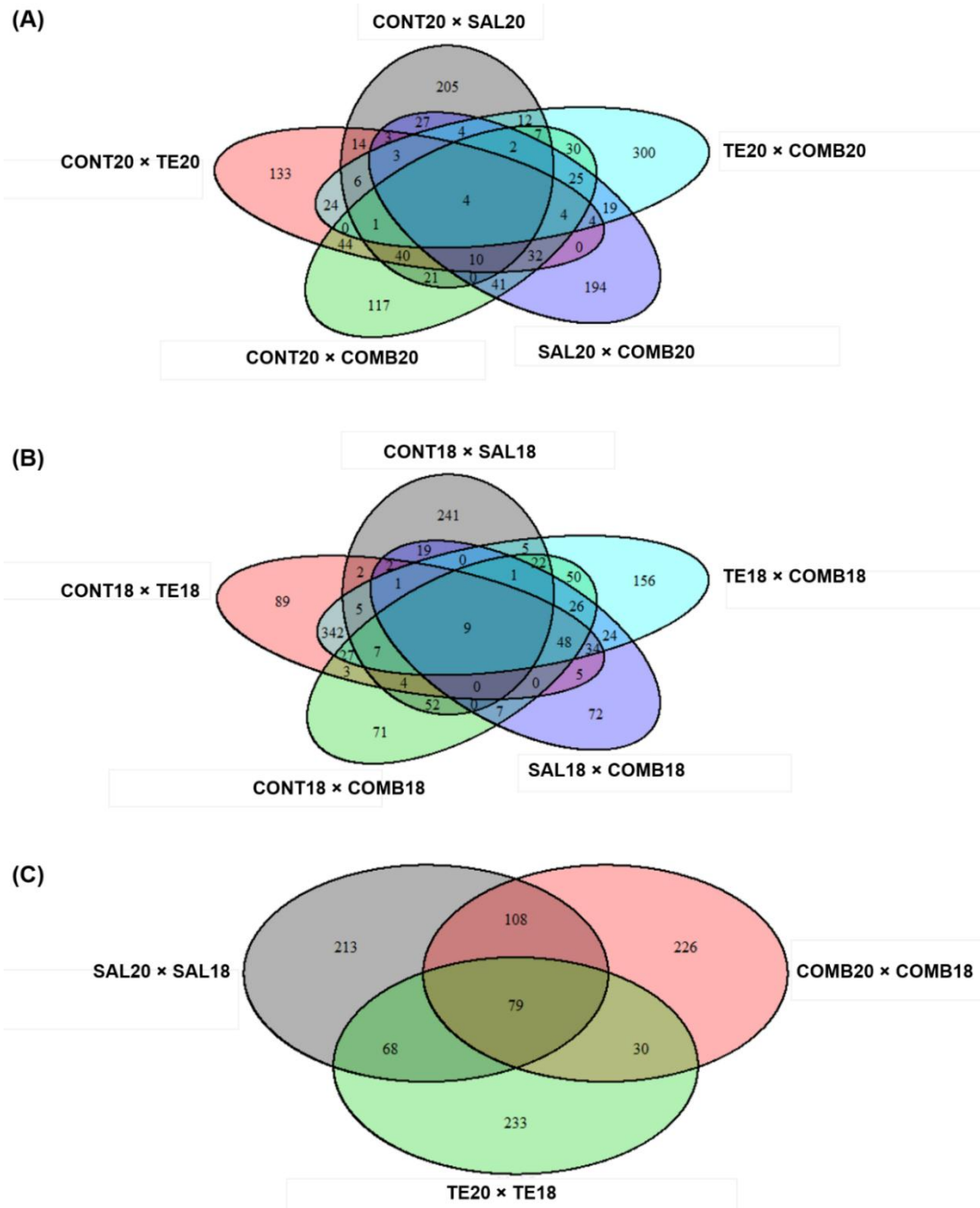
7.3.2.2.1 Distribuição dos GDEs visualizados em diagramas de Venn

Os *diagramas de Venn* possibilitam analisar os GDEs exclusivos ou compartilhados em uma dada comparação. No genótipo CSF20, dos 1.921 GDEs identificados (**Tabela 3**), apenas 4 genes foram modulados diferencialmente para todas as comparações avaliadas (**Figura 15A**). Por outro lado, 205, 133, 117, 194 e 300 GDEs foram exclusivos para as comparações CONT20 × SAL20, CONT20 × TE20, CONT20 × COMB20, SAL20 × COMB20 e TE20 × COMB20, respectivamente (**Figura 15A**). Já no genótipo CSF18, após análise dos 2.328 genes identificados como GDEs (**Tabela 3**), somente 9 deles apresentaram modulação diferencial em todas as comparações avaliadas. Contudo, 241, 89, 71, 72 e 156 foram regulados exclusivamente nas comparações CONT18 × SAL18, CONT18 × TE18, CONT18 × COMB18, SAL18 × COMB18 e TE18 × COMB18, respectivamente (**Figura 15B**).

Quando os genótipos foram comparados entre si, um total de 1.330 genes foi identificado como GDEs (**Tabela 3**). Desse montante, 79 GDEs foram comuns em todas as comparações dos tratamentos de estresse (SAL20 × SAL18, TE20 × TE18 e COMB20 × COMB18) (**Figura 15C**); enquanto que 108 genes apresentaram modulações em ambas as comparações SAL20 × SAL18 e COMB20 × COMB18, 68 foram regulados nas comparações SAL20 × SAL18 e TE20 × TE18, e 30 GDEs

mostraram alterações nas comparações TE20 × TE18 e COMB20 × COMB18. Por outro lado, 213, 233 e 226 genes (GDEs) foram regulados exclusivamente nas comparações SAL20 × SAL18, TE20 × TE18 e COMB20 × COMB18, respectivamente (**Figura 15C**).

Figura 15. *Diagramas de Venn*, de plantas de *Sorghum bicolor* (genótipos CSF20 e CSF18), mostrando a distribuição dos GDEs em cada comparação. **(A)** *Diagramas de Venn*, de plantas de *Sorghum bicolor* (genótipo CSF20), mostrando a distribuição de GDEs exclusivos e comuns, em cada comparação. **(B)** *Diagramas de Venn*, de plantas de *Sorghum bicolor* (genótipo CSF18), mostrando a distribuição de GDEs exclusivos e comuns, em cada comparação e **(C)** *Diagramas de Venn*, de plantas de *Sorghum bicolor* (genótipo CSF20 × CSF18), mostrando a distribuição de GDEs exclusivos e comuns, em cada comparação. Os diagramas foram gerados com os GDEs (incluindo genes *up*, *down* e *induzidos/reprimidos*) que apresentaram $p\text{-value} < 0,05$.

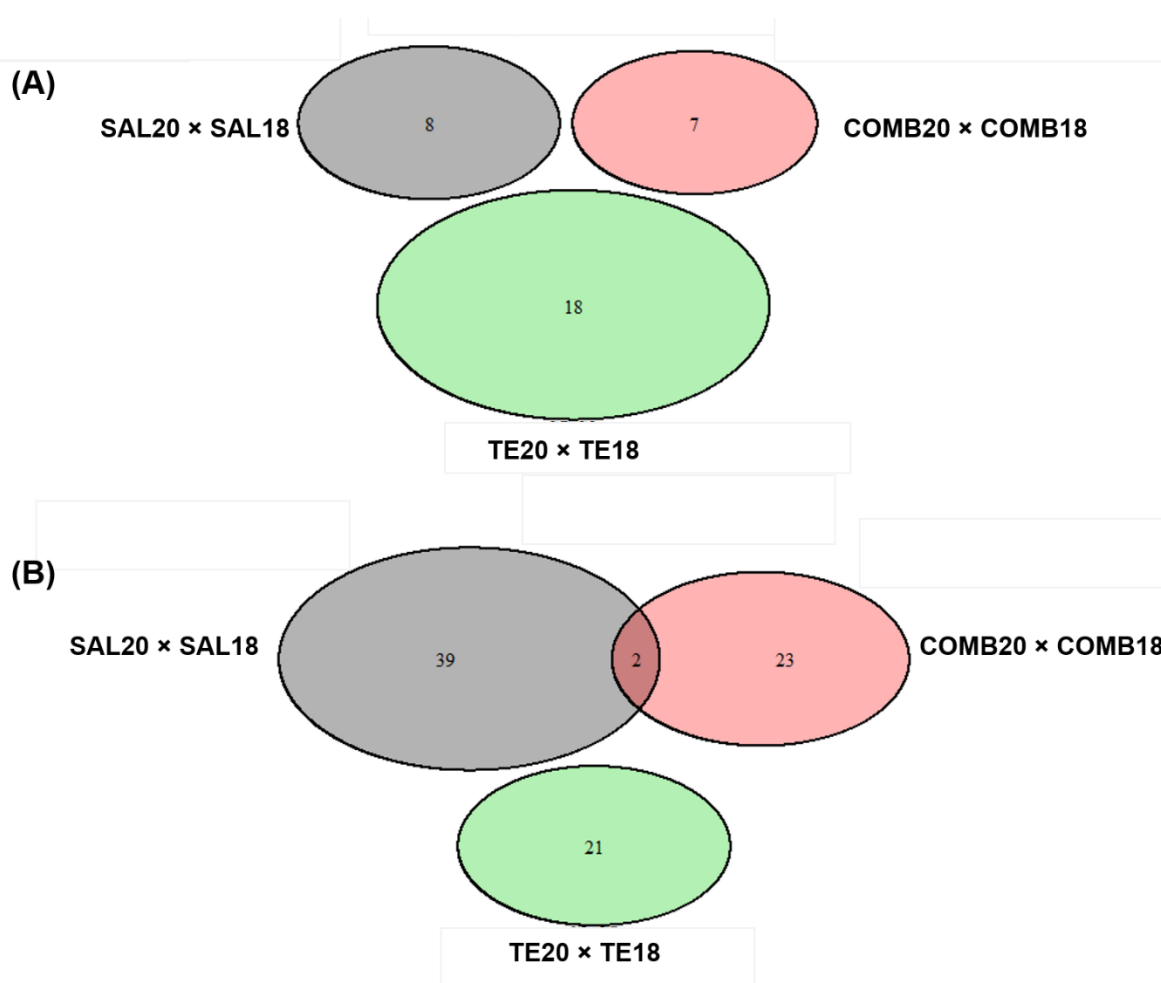


Fonte: elaborado pelo autor.

O montante de genes induzidos/reprimidos para cada tratamento de estresse, dentro de cada genótipo, está apresentado na **figura 16**. Um total de 33 genes foi detectado somente nas folhas do genótipo CSF20 sob condições de estresse; sendo que 8, 18 e 7 foram expressos exclusivamente nas plantas expostas à salinidade (SAL20), temperatura elevada (TE20) e salinidade + temperatura elevada (COMB20), respectivamente (**Figura 16A e Tabela 4**). Em contraste, dos 87 genes encontrados apenas no genótipo CSF18 sob estresse, 2 deles foram responsivos à

salinidade (SAL18) e ao estresse combinado (COMB18) (**Figura 16Be Tabela 4**). Além disso, 39, 21 e 23 genes foram expressos somente nas plantas crescendo na presença de NaCl (SAL18), temperatura elevada (TE18) e na combinação desses estresses (COMB18).

Figura 16. Diagramas de Venn, de plantas de *Sorghum bicolor* (genótipos CSF20 × CSF18), mostrando a distribuição de GDEs induzidos/reprimidos em cada comparação. **(A)** Diagramas de Venn com os GDEs que apresentaram expressão (induzidos) no genótipo CSF20, mas estavam ausentes no genótipo CSF18 e **(B)** Diagramas de Venn com os GDEs que apresentaram expressão no genótipo CSF18 (induzidos), mas estavam ausentes no genótipo CSF20.



Fonte: elaborado pelo autor.

7.3.3 Padrão de regulação dos GDEs

O padrão de regulação dos GDEs em cada comparação e genótipo está apresentado na **Tabela 3**. Do total de 5.579 genes identificados como GDEs, 2.193

foram regulados positivamente (*Up*) e 2.790 regulados negativamente (*Down*); contudo, o padrão de expressão dos GDEs variou em função do genótipo, do estresse e da comparação analisada. O número e a identificação de todos os GDEs ($p\text{-value} > 0,05$) identificados neste trabalho são mostrados nas **Tabelas suplementares 1, 2 e 3**.

O número de genes induzidos, reprimidos e exclusivos em cada tratamento e genótipo de sorgo está descrito na **Tabela 4**. No genótipo CSF20, um montante de 8, 6 e 8 genes foi induzido apenas nas folhas das plantas provenientes dos tratamentos com NaCl, temperatura elevada e estresse combinado, respectivamente; ao passo que 37, 43 e 42 genes foram reprimidos nesses mesmos tratamentos (**Tabela 4**). Por outro lado, no genótipo CFS18, plantas expostas aos tratamentos com NaCl, temperatura elevada e estresse combinado apresentaram indução de 27, 24 e 17 genes, e repressão de 6, 38 e 0 genes, respectivamente. Além disso, um conjunto de genes foi expresso nas plantas de sorgo sob estresse; sendo 8, 18 e 7 genes expressos exclusivamente em plantas CSF20 expostas à salinidade, temperatura elevada e estresse combinado, respectivamente, enquanto que no genótipo CSF18 esse número foi de 41, 21 e 25 (**Tabela 4**).

Tabela 4. Total de genes induzidos/reprimidos nas folhas de plantas de sorgo, genótipos CSF20 e CSF18, em função dos tratamentos de estresse. Em cada comparação, o número de genes induzidos é destacado em azul; enquanto o número de genes reprimidos é realçado em vermelho. Já os genes expressos exclusivamente nos tratamentos de salinidade, temperatura elevada e estresse combinado são mostrados na cor verde (genótipo CSF20) e laranja (genótipo CSF18).

Comparações	CONT20	SAL20	TE20	COMB20	CONT18	SAL18	TE18	COMB18
CONT20		8	6	8	-	-	-	-
SAL20	37		-	31	-	41	-	-
TE20	43	-		33	-	-	21	-
COMB20	42	44	24		-	-	-	25
CONT18	-	-	-	-		27	24	17
SAL18	-	8	-	-	6		-	8
TE18	-	-	18	-	38	-		58
COMB18	-	-	-	7	0	2	20	

Fonte: elaborado pelo autor.

7.3.4 Categorização funcional (ontologia gênica - GO e identificação de vias metabólicas - KEEG)

Os genes que apresentaram regulação diferencial (*Up*, *Down*, induzido/reprimido) foram categorizados quanto ao processo biológico (PB), componente celular (CC) e função molecular (FM). Durante essa análise, os GDEs de ambos os genótipos foram inicialmente enriquecidos quanto à função e um gene pode ter sido classificado em mais de um termo e/ou categoria. Assim, dos 1.921 GDEs no genótipo CSF20, um total de 1.792 genes foi enriquecido, sendo que 836 foram enquadrados na categoria PB, 279 em CC e 677 em FM (**Tabela 5**). Por outro lado, do montante de 2.328 GDEs identificados no genótipo CSF18, houve o enriquecimento de 4.888 genes, os quais foram enquadrados nas categorias PB (2.334), CC (1.066) e FM (1.488) (**Tabela 5**). Já dos 1.330 genes identificados como GDEs nas comparações entre os genótipos de sorgo (CSF20 × CSF18), houve enriquecimento de 3.180 genes, sendo 2.189 deles relativos aos GDEs mais expressos no genótipo CSF20 (PB - 1.189, CC - 366 e FM - 634) e 991 aos com maiores níveis de expressão no genótipo CSF18 (PB - 349, CC - 213 e FM - 429) (**Tabela 5**).

No presente estudo, a regulação na expressão dos genes variou em função do tipo de estresse, da comparação analisada e do genótipo estudado, sendo as principais alterações observadas na categoria processo biológico (PB). Convém salientar que, na categoria componente celular (CC), a modulação ocorreu quase que exclusivamente na expressão de genes envolvidos com a estrutura de cloroplastos e mitocôndrias.

Tabela 05. Número de GDEs enriquecidos através do programa GO *seq* em plantas de ambos os genótipos de *Sorghum bicolor*. O programa GO *seq* realiza o enriquecimento funcional dos GDEs nas seguintes categorias: Processo biológico (PB), Componente celular (CC) e Função molecular (FM).

	GDEs enriquecidos				Total
	*GDEs	Processo biológico (PB)	Componente celular (CC)	Função molecular (FM)	
CSF 20	1.921	836	279	677	1.792
CSF 18	2.328	2.334	1.066	1.488	4.888
CSF 20 × CSF 18	1.330	1.538	579	1.063	3.180
TOTAL	5.579	4.708	1.924	3.228	9.860

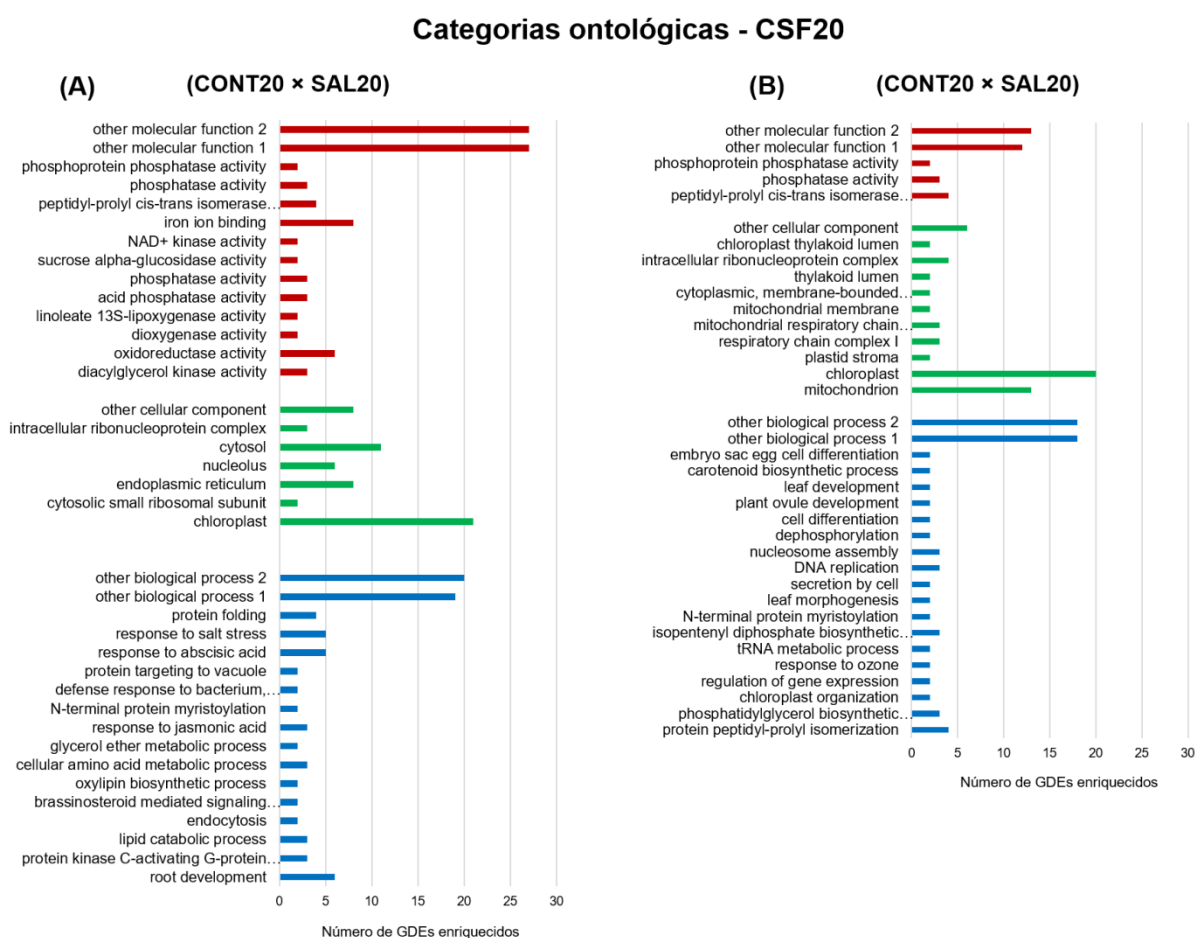
*Número de GDEs antes do enriquecimento funcional

Fonte: elaborado pelo autor.

7.3.4.1 Genes modulados pelo estresse salino

Na presença de NaCl (CONT20 x SAL20), plantas do genótipo CSF20 apresentaram aumentos principalmente na expressão de genes envolvidos nas respostas ao ácido abscísico (ABA) (5), salinidade (5), desenvolvimento da raiz (6) e atividade de chaperonas (4) (**Figura 17A**). Dentre os responsivos ao ABA foram *Up* regulados o *PYL4* (ID: Sb01g038150), *PP2C* (IDs: Sb01g039890 e Sb03g039630), *SnRK2* (ID: Sb01g028760) e *ABF2*(ID: Sb04g034190) (**Tabelas 6 e S1; Figuras 17Ae 20**). Outros genes relacionados a fitohormônios, tais como *EFE* (ID: Sb04g034520), *BIN2*(ID: Sb03g002380) (**Tabelas 6 e S1**) também foram *Up* regulados no genótipo tolerante à salinidade. Já os genes regulados positivamente pelo excesso de sais, classificados como responsivos à salinidade, foram: *mTERF* (ID: Sb02g037620), *NOA1* (ID: Sb04g000530), *SnRK2.4* (ID: Sb04g022410), *LACS6*(ID: Sb08g001010) e *MPK1*(ID: Sb09g001660) (**Tabelas 6 e S1; Figura 17A**). Por outro lado, os genes que mostraram regulação negativa pelo estresse salino estão envolvidos principalmente em processos de organização de cloroplastos [*STR11* (ID: Sb04g024890) e *APO1*(ID: Sb06g028490)], biossíntese de carotenoides [*PHT2;1* (ID: Sb04g024630) e *FKBP13* (ID: Sb10g026520)], morfogênese de folhas [Homer protein (ID: Sb02g030590) e *PPAT* (ID: Sb03g041300)], biossíntese de terpenos e terpenóides [*LHCP*(ID: Sb02g034910), *STR11* (ID: Sb04g024890) e *FKBP13*(ID: Sb10g026520)], dentre outros (**Tabelas 6 e S1; Figura 17B**). Em adição aos genes descritos anteriormente, o gene *DEAD-box ATP-dependente RNA helicase 52B* (ID: Sb02g005950), responsivo à salinidade, foi identificado apenas nas folhas das plantas do genótipo CSF20 (**Tabelas 6 e S1**). Além disso, genes relacionados ao controle da homeostase iônica, tais como o *CBL-interacting protein kinase 2 e 12*(*SOS2*) (IDs: Sb05g001050 e Sb09g025420), também foram detectados como GDEs exclusivamente nas plantas do genótipo tolerante (CSF20) (**Tabelas 6 e S1**).

Figura 17. Classificação dos genes diferencialmente expressos (GDEs) em categorias ontológicas (GO). O montante de GDEs regulados positivamente **(A)** e negativamente **(B)** pelo estresse salino no genótipo CSF20 (SAL20), em comparação ao controle (CONT20), é apresentado dentro dos termos processo biológico (azul), componente celular (verde) e função molecular (vermelho). O padrão de modulação foi estabelecido utilizando a expressão dos genes das plantas controle (CONT20) como referência.



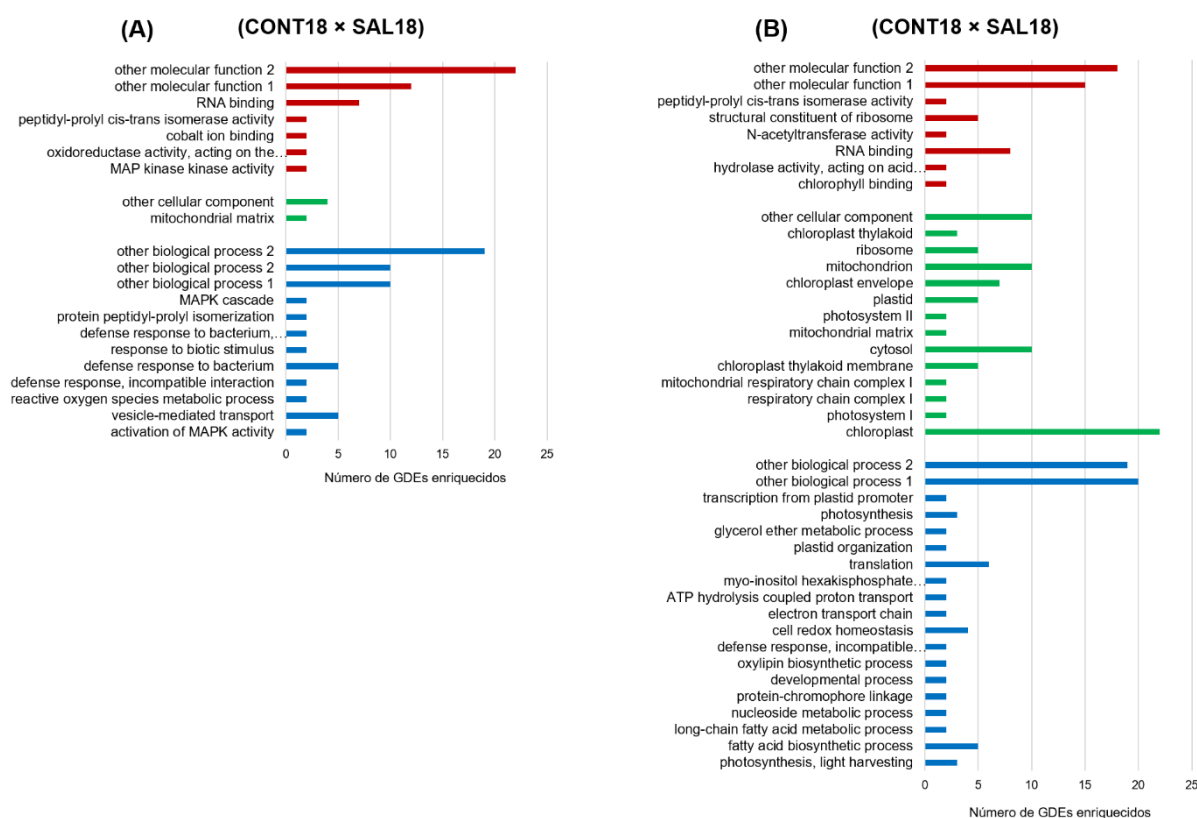
Fonte: elaborado pelo autor.

Plantas CSF18 estressadas com NaCl a 100 mM (CONT18 × SAL18) apresentaram incrementos principalmente na expressão de genes envolvidos no transporte mediado por vesículas [*Beta-adaptin*(ID: Sb01g035130, *MIN7*(ID: Sb02g036510), *SNX2b*(ID: Sb09g016140), *Hydroxyproline-richglycoprotein*(ID: Sb10g011810) e *Clathrinlightchainprotein*(ID: Sb10g031240)], metabolismo das EROs [*ALDH5F1;3*(ID: Sb04g004920) e *ALDH12A1*(ID: Sb09g026810)] e ativação

da MAPK [*MKK6*(ID: Sb03g033190) e *MKK3*(ID: Sb07g014650)] (Tabelas 6 e S2; Figura 18A); ao passo que mostraram regulação negativa naqueles envolvidos com a fotossíntese [*LHCB3*(ID: Sb02g036380), *LUT2*(ID: Sb03g026020) e *LHCB1*(ID: Sb03g027030)], homeostase redox [*LPD1*(ID: Sb03g013540), *TY1*(ID: Sb03g046830), *NTRA*(ID: Sb04g030050) e *TO1*(ID: Sb10g026630)], biossíntese de ácidos graxos [*GCN5*(ID: Sb01g011070), *SMO2-1*(ID: Sb01g048370), *MTACP-1*(ID: Sb02g006530), *CLKR* (ID: Sb04g020450) e *LOX5* (ID: Sb08g023120; IDs)] e tradução [*EXOSCRRP40*(ID: Sb03g030230), *RPL12*(ID: Sb04g006766), *RPL16A*(ID: Sb04g008540), 2 genes *RPL35D* (IDs: Sb04g020240 e Sb04g020440) e *Glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase* (ID: Sb06g030390)] (Tabelas 6e S2; Figura 18B).

Figura 18. Classificação dos genes diferencialmente expressos (GDEs) em categorias ontológicas (GO). O montante de GDEs regulados positivamente (A) e negativamente (B) pelo estresse salino no genótipo CSF18 (SAL18), em comparação ao controle (CONT18), é apresentado dentro dos termos processo biológico (azul), componente celular (verde) e função molecular (vermelho). O padrão de modulação foi estabelecido utilizando a expressão dos genes das plantas controle (CONT18) como referência.

Categorias ontológicas – CSF18



Fonte: elaborado pelo autor.

Sob condições de estresse salino, o padrão de expressão de inúmeros genes foi modulado diferencialmente em função do genótipo de sorgo (**Figura 19**). De modo geral, no genótipo CSF20, as respostas moleculares ao estresse salino envolveram principalmente a ativação de vias relacionadas com a fotossíntese (fixação e metabolismo do carbono), tais como os genes *GLDC*(ID: Sb08g005210), *FBA*(ID: Sb05g004590), *PGLP1* (ID: Sb06g021010), *MDH* (ID: Sb07g023910) e 3 genes que codificam para Rubisco(IDs: Sb05g025125, Sb03g020182 e Sb05g003480) (**Tabelas 6 e S3; Figuras 19B e 21**), sinalização via ABA (**Tabelas 6 e S3; Figuras 19B e 20**), resposta ao estresse oxidativo [*RCI3*(ID: Sb01g049140), *PER*(ID: Sb02g001140), 2 genes *CHS*(IDs: Sb05g020150 e Sb05g020230), *APX4* (ID: Sb06g027520) e *HEMA1* (ID: Sb06g030160)], regulação da condutância estomática [2 genes *PP2C* (IDs: Sb01g039890 e Sb03g039630) e *HAB2* (ID: Sb03g026070)], resposta ao ácido abscísico [2 genes *LOX1*(IDs: Sb03g042450 e Sb03g042440), *LOX5*(ID: Sb01g011050), 2 genes *PP2C*(IDs: Sb01g039890 e Sb03g039630), *HAB2*(ID: Sb03g026070) e *P5CS2* (ID: Sb03g039820)] (**Tabelas 6 e S3; Figura 19B**) e vias de sinalização de fitohormônios tais como *auxin-responsive* (ID: Sb01g044140) e *IAA30-like* (ID: Sb08g020580) (**Tabelas 6 e S3**).

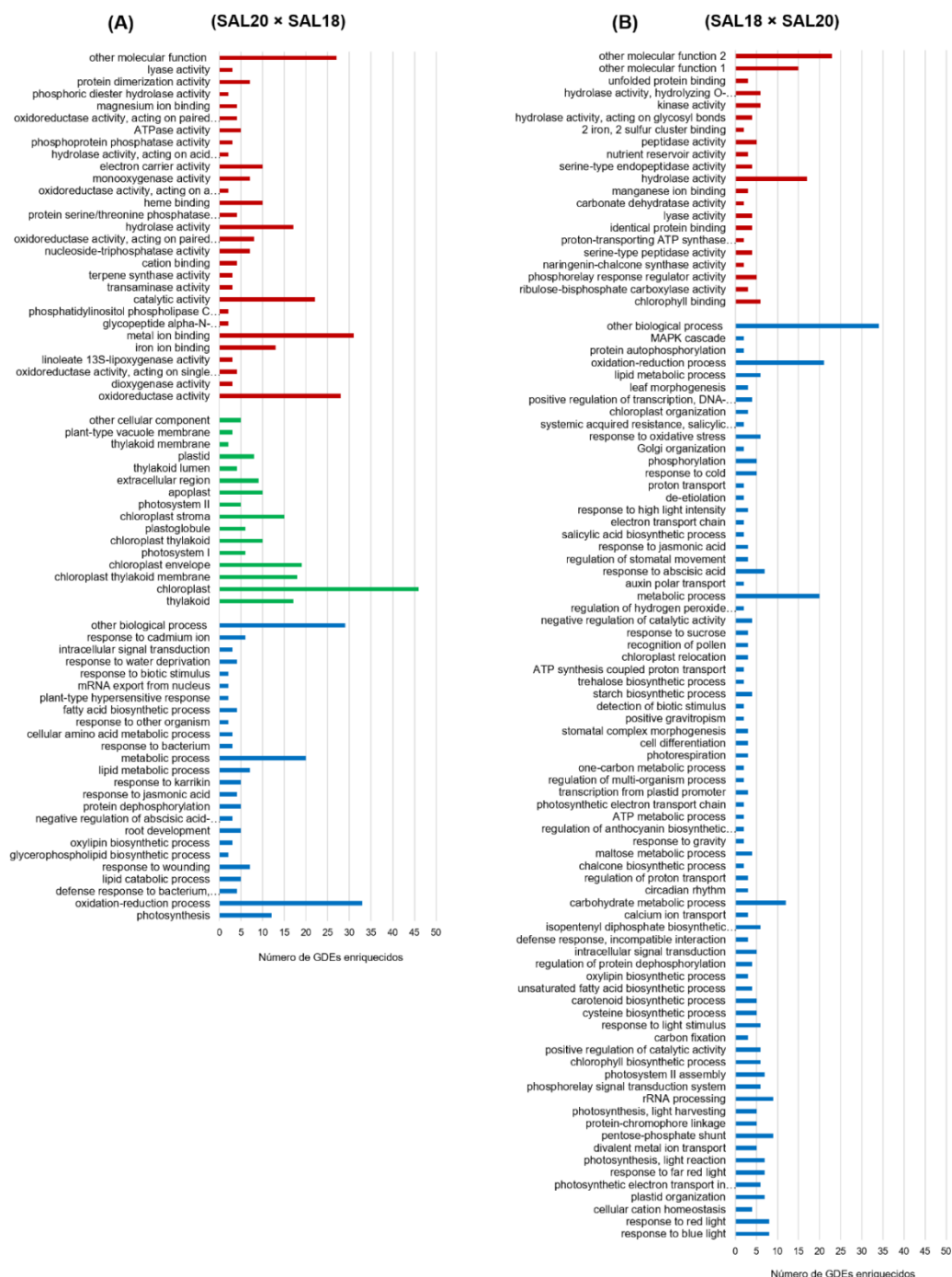
Além disso, genes envolvidos na regulação da homeostase iônica [*CRR23*(ID: Sb02g024470), *NDHK*(ID: Sb07g028880), *ChaperoneproteinDnaJ* (ID: Sb09g001120) e *DELTA-TIP* (ID: Sb10g019360), biossíntese de carotenoides [*AMHR2*(ID: Sb02g023760), *HST*(ID: Sb02g037370), *LUT2*(ID: Sb03g026020), *CYP38*(ID: Sb07g019320) e *CRB* (ID: Sb08g005500)] e outros processos metabólicos (20 genes) também apresentaram níveis de expressão superiores aos do genótipo sensível (CSF18) (**Tabelas 6 e S3; Figura 19A**).

Em contraste, quando comparadas com plantas estressadas CSF20, plantas CFS18 mostraram maior expressão de genes envolvidos com a montagem dos fotossistemas I e II/complexos coletores de luz [*LHCB3*(ID: Sb02g036380), *PsbB*(ID: Sb03g017600), 2 genes *LHCB1*(IDs: Sb03g027030 e Sb03g027040), *LHCB6*(ID: Sb06g032690), *PsaO*(ID: Sb06g016090), *PsaN*(ID: Sb08g005300), *Psi-P*(ID: Sb02g032815), *PsaK*(ID: Sb02g002960), *PPL1- PsbP-like*(ID: Sb01g049040) e *PsbQ1* (ID: Sb02g035610)]; e com a regulação negativa do ABA [2 genes *PP2C*

(IDs: Sb09g022410 e Sb02g022090) e *HAB1* (ID:Sb09g026860)] (**Tabelas 6e S3; Figuras 19A e22**).

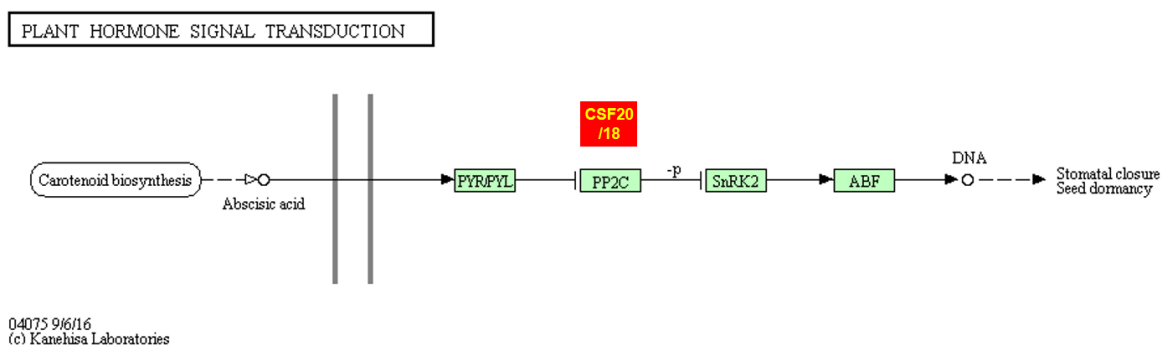
Figura 19. Categorização ontológica (GO) dos genes diferencialmente expressos (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipos CSF20 e CSF18, sob condições de estresse salino. Em **(A)**, número/categorização de genes com maiores valores de expressão nos tecidos das plantas CSF18, utilizando os níveis de expressão do CSF20 como referência. Em **(B)**, número/categorização de genes com maiores valores de expressão nos tecidos das plantas CSF20, utilizando os níveis de expressão do CSF18 como referência. Em todos os casos, o montante de GDEs é apresentado dentro dos termos processo biológico (azul), componente celular (verde) e função molecular (vermelho).

Categorias ontológicas – CSF20 × CSF18



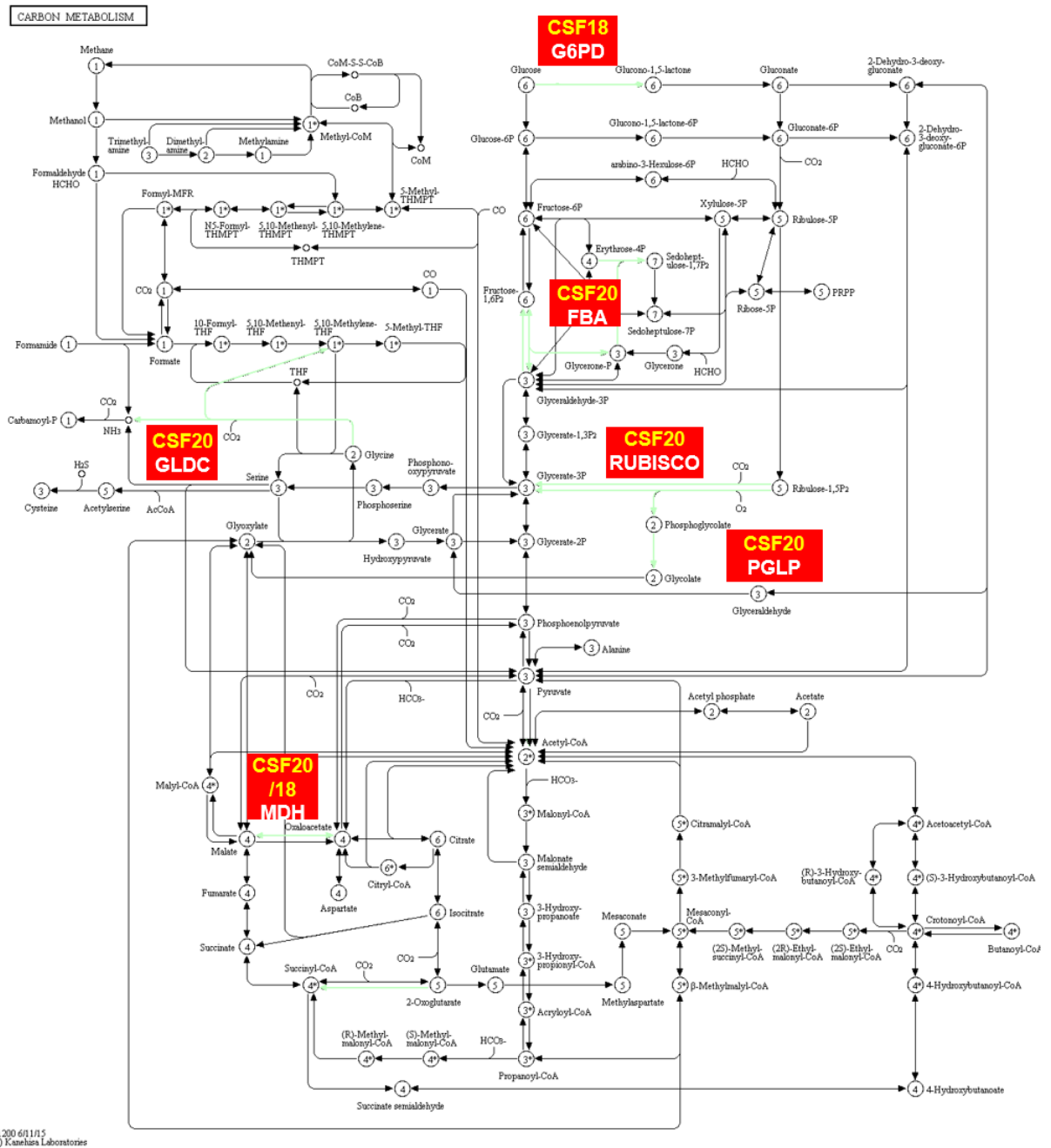
Fonte: elaborado pelo autor.

Figura 20. Genes da via de transdução de sinais do ABA expressos diferencialmente (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipos CSF20 e 18, em resposta ao estresse salino. Os GDEs modulados positivamente para cada genótipo são destacados por caixas verdes. **Abreviaturas:** **PP2C** - *Protein phosphatase 2C*, **SnRK2** - *calcium-dependent protein serine*, **ABF2** - *Abscisic acid responsive elements-binding factor 2* e **PYL4** - *Abscisic acid receptor PYL4*.



Fonte: elaborado pelo autor.

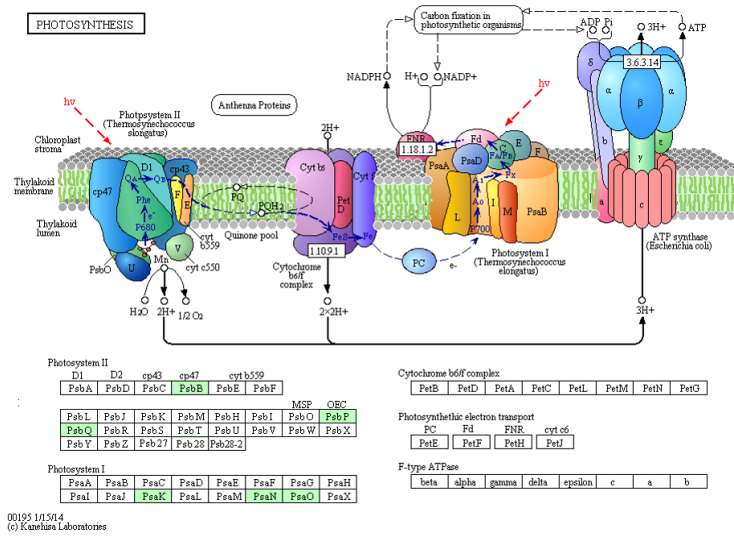
Figura 21. Genes das vias de metabolismo do carbono expressos diferencialmente (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipos CSF20 e CSF18, em resposta ao estresse salino. Os GDEs modulados positivamente para cada genótipo são destacados por setas verdes. **Abreviaturas:** *GLDC*- Glycine cleavage system H protein, *FBA* - Fructose-bisphosphate aldolase, *PGLP* - 2-Phosphoglycolate phosphatase 1, *MDH* - Malate dehydrogenase, *G6PD6* - Glucose-6-phosphate dehydrogenase 6e *RUBISCO*.



Fonte: elaborado pelo autor.

Figura 22. Genes estruturais dos fotossistemas I e II, expressos diferencialmente (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipo CSF18, em resposta ao estresse salino. Os GDEs modulados positivamente são destacados por caixas verdes. **(A)** Genes estruturais dos PSI e PSII e **(B)** Genes relacionados aos complexos coletores de luz dos PSI e II. **Abreviaturas:** *PsbB* - Photosystem II CP47 reaction center protein, *PsbQ* - photosystem II subunit Q, *PPL1* - PsbP-like protein, *PsaK*, *PsaN*, *PsaO* - photosystem I subunit K, N e O, respectivamente, *LHCB1*, *LHCB3*, *LHCB6* - Light-harvesting chlorophyll b-binding protein B1, B3 e B6, respectivamente.

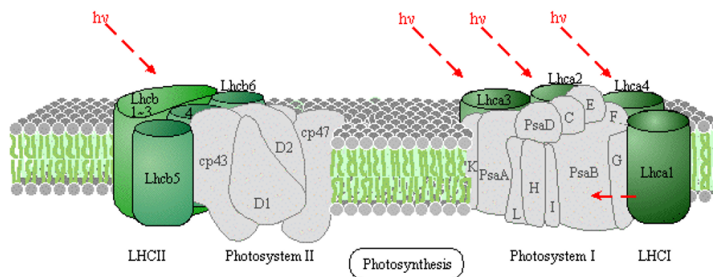
(A)



(B)

PHOTOSYNTHESIS - ANTENNA PROTEINS

Light-harvesting chlorophyll protein complex (Plant, Green alga)



Light-harvesting chlorophyll protein complex(LHC)

Lhca1	Lhca2	Lhca3	Lhca4	Lhca5
-------	-------	-------	-------	-------

Lhcb1	Lhcb2	Lhcb3	Lhcb4	Lhcb5	Lhcb6	Lhcb7
-------	-------	-------	-------	-------	-------	-------

00196 11/16/10
(c) Kanehisa Laboratories

Fonte: elaborado pelo autor.

Tabela 6. Genes diferencialmente expressos -GDEs (p -value < 0,05) nas folhas das plantas de dois genótipos de sorgo (CSF20 e CSF18) submetidas ao tratamento com NaCl. Comparações CONT20 × SAL20, CONT18 × SAL18 e SAL20 × SAL18. Os números que aparecem abaixo de cada comparação representam o Log_2 fold change (Log_2FC). Valores de Log_2FC positivos indicam que o gene foi regulado positivamente (*Up*), contrariamente, valores negativos indicam que o gene foi regulado negativamente (*Down*), por exemplo, o gene *PYL4* apresentou valor de $\text{Log}_2\text{FC} = -1,541$ na comparação SAL20 × SAL18, neste caso, o valor negativo indica que esse gene foi regulado positivamente em plantas CSF20. Os termos induzidos e reprimidos foram usados para genes cujas contagens, dentro de cada comparação, foram zero em um dos tratamentos/condições. Os GDEs destacados nos resultados e discussão estão apresentados nessa tabela, ao passo, que os demais GDEs são apresentados nas **tabelas S1, S2 e S3**.

Processo biológico	ID	Anotação	CONT20 × SAL20	CONT18 × SAL18	SAL20 × SAL18
Respostas e vias de sinalização ao ABA	Sb01g038150	<i>Abscisic acid receptor (PYL4)</i>	0,530		-1,541
	Sb01g039890	<i>Protein phosphatase 2C (PP2C)</i>	1,490		-1,322
	Sb03g039630	<i>Protein phosphatase 2C (PP2C)</i>	0,535		-0,951
	Sb01g028760	<i>Calcium-dependent protein serine (SnRK2)</i>	1,479		-1,479
	Sb04g034190	<i>Abscisic acid responsive elements factor 2 (ABF2)</i>	1,200		-1,050
	Sb04g005610	<i>bZIP transcription factor Induzidoerfamily protein</i>	2,764		-1,764
	Sb03g042450	<i>Lipoxygenase 1 (LOX1)</i>			-1,945
	Sb03g042440	<i>Lipoxygenase 1 (LOX1)</i>			-0,869
	Sb01g011050	<i>Lipoxygenase 5 (LOX5)</i>			-0,996
	Sb03g026070	<i>Protein serine/threonine phosphatase (HAB2)</i>			-0,797
	Sb03g039820	<i>Delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthase 2 (P5CS2)</i>			-0,855
	Sb10g026450	<i>Basic leucine zipper 9 (bZIP9)</i>			-2,560
	Condutância estomática	Sb02g022090	<i>Protein phosphatase 2C (PP2C)</i>		
Sb01g039890		<i>Protein phosphatase 2C (PP2C)</i>			-1,322
Sb03g039630		<i>Protein phosphatase 2C (PP2C)</i>			-0,951
Sb03g026070		<i>Protein serine/threonine phosphatase (HAB2)</i>			-0,797
Sb09g022410		<i>Protein phosphatase 2C (PP2C)</i>			0,862
Regulação negativa do ABA	Sb02g022090	<i>Protein phosphatase 2C (PP2C)</i>			1,330
	Sb09g026860	<i>Protein serine/threonine phosphatase (HAB1 homology to ABI1)</i>			0,780
Resposta à salinidade	Sb02g037620	<i>Mitochondrial transcription termination factor family (mTERF)</i>	0,324		
	Sb04g000530	<i>NO associated 1; Nitric-oxide synthase (NOA1)</i>	1,287		
	Sb04g022410	<i>SNF1-related protein kinase 2.4 (SNRK2.4)</i>	0,338		

	Sb08g001010	<i>Long-chain acyl-CoA synthetase 6 (LACS6)</i>	0,239	
	Sb09g001660	<i>Mitogen-activated protein kinase phosphatase 1 (MPK1)</i>	1,546	
	Sb02g005950	<i>DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 52B</i>	10,800	
	Sb05g001050	<i>CBL-interacting protein kinase 2 (CIPK2 -SOS2)</i>	1,540	
	Sb09g025420	<i>CBL-interacting protein kinase 12 (CIPK12 -SOS2)</i>	1,02	
Homeostase iônica	Sb02g024470	<i>Chlororespiratory reduction 23 (CRR23)</i>		-0,617
	Sb07g028880	<i>NAD(P)H-quinone oxidoreductase subunit S, chloroplastic (NDHK)</i>		-0,617
	Sb09g001120	<i>Chaperone protein DnaJ</i>		-0,583
	Sb10g019360	<i>Transmembrane transporter DELTA-TIP</i>		-0,730
	Sb09g003590	<i>*Sodium hydrogen exchanger 2 (NHX2)</i>		-7,743
	Sb04g005010	<i>*High-affinity K⁺ transporter 1 (HKT1)</i>		3,845
Cloroplastos	Sb04g024890	<i>Rhodanese-like domain-containing protein 11 (STR11)</i>	-0,288	
	Sb06g028490	<i>Accumulation of photosystem one 1 (APO1)</i>	-2,852	
	Sb04g028930	<i>SAMC1 (S-adenosylmethionine carrier 1 (SAMC1))</i>		-0,632
Morfogênese de folhas	Sb02g030590	<i>Homer protein</i>	-0,316	
	Sb03g041300	<i>Phosphoribosyl pyrophosphate amidotransferase 1 (PPAT)</i>	-0,548	
Biossíntese de terpenos e terpenóides	Sb02g034910	<i>Protein LHCP translocation defect</i>	-0,363	
	Sb04g024890	<i>Rhodanese-like domain-containing protein 11 (STR11)</i>	-0,288	
	Sb10g026520	<i>FK506-binding protein 1 (FKBP13)</i>	-0,234	
	Sb05g024380	<i>Phospholipase A 2A (PLA2A)</i>	0,600	
	Sb05g024390	<i>Patatin-like protein 4 (PLP4)</i>	0,469	
	Sb05g026990	<i>Patatin-like protein 4 (PLP4)</i>	0,664	
Sinalização da MAPK	Sb09g001420	<i>Lipase class 3 family protein</i>		
	Sb07g014650	<i>MAP kinase kinase 3 (MKK3)</i>		2,333
	Sb03g033190	<i>MAP kinase kinase 6 (MKK6)</i>		0,535
	Sb09g001660	<i>Mitogen-activated protein kinase phosphatase 1 (MPK1)</i>	0,546	
	Sb01g039890	<i>Protein phosphatase 2C (PP2C)</i>		-1,322
	Sb03g039630	<i>Protein phosphatase 2C (PP2C)</i>		-0,951
	Sb09g022410	<i>Protein phosphatase 2C (PP2C)</i>		0,862
	Sb02g022090	<i>Protein phosphatase 2C (PP2C)</i>		1,330
	Sb09g022410	<i>Protein phosphatase 2C (PP2C)</i>		0,862
	Sb3219s002010	<i>Basic chitinase (CHIB)</i>		0,838

	Sb05g020380	<i>Respiratory burst oxidase homologue D; NAD(P)H oxidase (RBOHD)</i>		-1,780
	Sb03g028740	<i>Mitogen-activated protein kinase phosphatase 20 (MPK20)</i>	-0,749	0,876
Biossíntese de carotenoides	Sb04g024630	<i>Phosphate transporter 2;1 (PHT2;1)</i>	-0,652	
	Sb10g026520	<i>FK506-binding protein 1 (FKBP13)</i>	-0,234	
	Sb02g023760	<i>Anti-muellerian hormone type-2 receptor (AMHR2)</i>		-0,873
	Sb02g037370	<i>Homogentisate solanesyltransferase (HST)</i>		-0,579
	Sb03g026020	<i>Lutein deficient 2; lycopene epsilon cyclase (LUT2)</i>		-0,605
	Sb07g019320	<i>Cyclophilin 38 (CYP38)</i>		-0,675
	Sb08g005500	<i>Chloroplast RNA BINDING (CRB)</i>		-0,612
Metabolismo do ascorbato/glutaciona	Sb07g003280	<i>Monodehydroascorbate reductase (MDHAR)</i>	-1,528	
	Sb10g022440	<i>L-ascorbate oxidase</i>		1,007
Metabolismo de aminoácidos	Sb01g017940	<i>Phosphatidyl inositol monophosphate 5 kinase (PIP5K9)</i>	0,869	
	Sb01g010270	<i>Glutamate-ammonia ligase/glutamine synthetase (GSR2)</i>		0,855
	Sb05g004590	<i>Fructose-bisphosphate aldolase (FBA)</i>		-0,579
Resposta ao estresse oxidativo	Sb02g001135	<i>Peroxidase (PER)</i>	Reprimido	
	Sb01g029660	<i>Proline oxidase (POX)</i>	-0,398	
	Sb08g004880	<i>*Stromal ascorbate peroxidase (SAPX)</i>		3,454
	Sb01g038760	<i>*Ascorbate peroxidase 1 (APX1)</i>		1,044
	Sb04g022560	<i>*Thylakoidal ascorbate peroxidase (TAPX)</i>		3,392
	Sb01g049140	<i>Rare cold inducible gene 3 (RCI3)</i>		-1,277
	Sb02g001140	<i>Peroxidase (PER)</i>		-1,684
	Sb05g020150	<i>Naringenin-chalcone synthase (CHS)</i>		-0,802
	Sb05g020230	<i>Naringenin-chalcone synthase (CHS)</i>		-0,775
	Sb06g027520	<i>Ascorbate peroxidase 4 (APX4)</i>		-0,580
	Sb06g030160	<i>Glutamyl-tRNA reductase (HEMA1)</i>		-0,707
	Sb01g002430	<i>Calreticulin 1 (CRT1)</i>	-1,618	-0,610
	Sb03g008760	<i>Isoflavone reductase (IFR)</i>		0,664
	Sb03g039820	<i>Delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthase 2 (P5CS2)</i>		-0,855
Sb06g020380	<i>Peptidemethionine sulfoxide reductase 2 (PMSR2)</i>		0,946	

	Sb06g023440	<i>Thioredoxin M-type 4 (TRX-M4)</i>			
	Sb09g004650	<i>Rare cold inducible gene 3 (RCI3)</i>			0,624
	Sb05g020380	<i>Respiratory burst oxidase protein D /NADPH oxidase (RBOHD)</i>			-1,780
	Sb10g029050	<i>Auxin-responsive protein, putative / small auxin Induzido RNA (SAUR_D)</i>	Reprimido		
	Sb03g042440	<i>Lipoxygenase 1 (LOX1)</i>	0,503	0,227	-0,869
	Sb01g011050	<i>Lipoxygenase 5 (LOX5)</i>	0,419		-0,996
	Sb03g039630	<i>Protein phosphatase 2C (PP2C)</i>	0,535		-0,951
	Sb01g042270	<i>Allene oxide synthase (AOS)</i>	0,670		
	Sb04g034520	<i>Ethylene-forming enzyme (EFE)</i>	0,226		
	Sb03g002380	<i>Brassinosteroid-insensitive 2 (BIN2)</i>	0,377		
	Sb03g030740	<i>Auxin-responsive factor AUX/IAA-like protein</i>			-0,842
	Sb03g026020	<i>Lutein deficient 2 (LUT2)</i>			-0,492
	Sb08g001890	<i>Zeaxanthin epoxidase isoform (ZEP)</i>			-0,328
	Sb01g039890	<i>Protein phosphatase 2C (PP2C)</i>			-1,322
	Sb03g039630	<i>Protein phosphatase 2C (PP2C)</i>			
	Sb03g039820	<i>Delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthase 2 (P5CS2)</i>			-0,855
	Sb01g042270	<i>Allene oxide synthase (AOS)</i>			0,783
	Sb01g044140	<i>Auxin-responsive family protein</i>			-0,699
	Sb08g020580	<i>Auxin-responsive protein IAA30-like</i>			-0,740
	Sb01g001660	<i>Late embryogenesis abundant family protein (LEA)</i>	-5,344		
Resposta ao estresse hídrico	Sb03g039820	<i>Delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthase 2 (P5CS2)</i>	0,897		-0,855
	Sb01g035130	<i>Beta-adaptin, putative</i>			0,854
	Sb02g036510	<i>Hopm interactor 7 (MIN7)</i>			0,302
Transporte mediado por vesículas	Sb09g016140	<i>Sorting nexin 2b (SNX2b)</i>			0,535
	Sb10g011810	<i>Hydroxyproline-rich glycoprotein family protein</i>			0,424
	Sb10g031240	<i>Clathrin light chain protein</i>			0,225
	Sb04g004920	<i>3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase (ALDH5F1;3)</i>			0,413
Metabolismo das EROs	Sb09g026810	<i>3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase (ALDH12A1)</i>			0,278
	Sb02g036380	<i>Light-harvesting chlorophyll B-binding protein 3 (LHCB3)</i>			-0,357
Fotossíntese	Sb03g026020	<i>Lutein deficient 2 (LUT2)</i>			-0,492
	Sb03g027030	<i>Light-harvesting chlorophyll B-binding protein 1 (LHCB1)</i>			-0,425

	Sb05g003480	<i>Ribulose biphosphate carboxylase small chain 1A (RBCS1A)</i>	-1,102
	Sb03g020182	<i>Ribulose biphosphate carboxylase large chain (RBCL)</i>	-0,866
	Sb03g013540	<i>Lipoamide dehydrogenase 1 (LPD1)</i>	-0,211
	Sb03g046830	<i>Thioredoxin Y1 (TY1)</i>	-0,382
	Sb04g030050	<i>NADPH-dependent thioredoxin reductase A (NTRA)</i>	-0,417
Homeostase redox	Sb10g026630	<i>Thioredoxin O1 (TO1)</i>	-0,271
	Sb01g011070	<i>GCN5-related N-acetyltransferase (GNAT)</i>	-0,453
	Sb01g048370	<i>Sterol 4-alpha-methyl-oxidase 2-1 (SMOL2-1)</i>	-0,248
Biossíntese de ácidos graxos	Sb02g006530	<i>Mitochondrial acyl carrier protein 1 (MTACP-1)</i>	-0,303
	Sb04g020450	<i>3-oxoacyl-(acyl-carrier protein) reductase, chloroplast (CLKR)</i>	-0,428
	Sb08g023120	<i>Lipoxygenase (LOX5)</i>	-0,455
	Sb03g030230	<i>Exosome complex exonuclease RRP40 (EXOSCRRP40)</i>	-0,449
	Sb04g006766	<i>Ribosomal protein (RPL12)</i>	-0,532
Tradução	Sb04g008540	<i>Ribosomal protein (RPL16A)</i>	-0,248
	Sb04g020440	<i>60S ribosomal protein L35 (RPL35D)</i>	-0,188
	Sb06g030390	<i>Glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase</i>	-0,199
Dissipação não fotoquímica	Sb08g001890	<i>Zeaxanthin epoxidase isoform (ZEP)</i>	-0,328
	Sb08g005210	<i>Glycine dehydrogenase (GLDC)</i>	-0,578
	Sb05g004590	<i>Fructose-biphosphate aldolase (FBA)</i>	-0,579
	Sb06g021010	<i>2-Phosphoglycolate phosphatase 1 (PGLP1)</i>	-0,742
	Sb07g023910	<i>Malate dehydrogenase (MDH)</i>	-0,939
Metabolismo do carbono	Sb05g025125	<i>Ribulose biphosphate carboxylase large chain (RBCL)</i>	-0,881
	Sb03g020182	<i>Ribulose biphosphate carboxylase large chain (RBCL)</i>	-0,866
	Sb05g003480	<i>Ribulose biphosphate carboxylase small chain 1A (RBCS1A)</i>	-1,102
	Sb06g020640	<i>Glucose-6-phosphate dehydrogenase 6 (G6PD6)</i>	0,929
	Sb07g021320	<i>Malate dehydrogenase (MDH)</i>	1,153
	Sb01g002990	<i>Proton-dependent oligopeptide transport (POT)</i>	0,608
Transporte	Sb01g013910	<i>Organic cation/carnitine transporter 7 (OCT7)</i>	0,642
	Sb02g025320	<i>Glutamate receptor 2.7 precursor (GLR2.7)</i>	0,848
	Sb10g022190	<i>ATPase, coupled to transmembrane movement</i>	0,807

		<i>of substances (MRP6)</i>	
Resposta a karriquina	Sb01g004130	<i>Seed imbibition 2 (SIP2)</i>	0,572
	Sb01g038520	<i>2OG-Fe(II) oxygenase family protein (Oxidoreductase)</i>	0,874
	Sb03g038160	<i>Cinnamate-4-hydroxylase (C4H)</i>	0,371
	Sb06g020380	<i>Peptidomethionine sulfoxide reductase 2 (PMSR2)</i>	0,946
	Sb10g005340	<i>Protein nuclear fusion defective 4 (NFD4)</i>	0,448
Processos biossintéticos em geral	Sb02g003520	<i>Aminotransferase-related (AR)</i>	0,888
	Sb02g003530	<i>Nicotianamine aminotransferase A (NAT – A)</i>	0,768
	Sb01g033590	<i>2-dehydro-3-deoxyphosphoheptonate aldolase (DAPH)</i>	0,575
Atividade de monooxigenase	Sb08g018780	<i>Flavonoid 3'-monooxygenase/ oxygen binding; (TT7, CYP75B1)</i>	-0,873
	Sb01g034730	<i>Flavonoid 3'-monooxygenase/ oxygen binding; (TT7, CYP75B1)</i>	-0,855
	Sb02g009410	<i>Cytochrome P450 71B2 (CYP71B2)</i>	0,622
	Sb02g036650	<i>Cytochrome P450 51G1 (CYP51G1)</i>	1,189
	Sb07g000500	<i>Cytochrome P450 71A21 (CYP71A21)</i>	1,484
	Sb10g022470	<i>Cytochrome P450 79B2 (CYP79B2)</i>	1,165
	Sb03g038160	<i>Cinnamate-4-hydroxylase (CH4)</i>	0,827
Fatores de transcrição	Sb07g020090	<i>Transcription factor RAP2.13 (related to AP213)</i>	-1,234
	Sb06g016710	<i>Transcription factor RAP2.6 (related to AP26)</i>	Reprimido
	Sb01g032240	<i>Transcription factor MYB DNA</i>	-1,860
	Sb09g022060	<i>Transcription factor MYB DNA</i>	-1,023
	Sb08g019720	<i>Transcription factor MYB DNA</i>	-0,697
	Sb09g016150	<i>Transcription factor DREB2A; DNA</i>	-1,153
	Sb01g045060	<i>Transcription factor RAP2.12 (related to AP2 12)</i>	-1,171
Atividade chaperona e HSP	Sb04g006890	<i>26.5 kDa class I small heat shock protein-like (HSP26.5-P)</i>	-1,833
	Sb10g007590	<i>Mitochondrion-localized small heat shock protein 23.6 (HSP23.6-MITO)</i>	-1,026
Metabolismo de poliaminas	Sb06g028970	<i>Polyamine oxidase 2 (PAO2)</i>	0,652
	Sb06g032460	<i>Polyamine oxidase 4 (PAO4)</i>	-0,698
Metabolismo do amido e sacarose	Sb04g021810	<i>Cell wall invertase 2 (CWINV2)</i>	-0,694
	Sb01g008030	<i>Glycosyl hydrolase family 3 protein (GH3)</i>	-0,589
Transdução de sinais intracelulares	Sb04g022780	<i>Response regulator 3; transcription regulator/ two-component response regulator (ARR3)</i>	-1,231

	Sb03g046040	<i>Response regulator 9; transcription regulator/ two-component response regulator (ARR9)</i>		-1,106
	Sb08g001140	<i>Response regulator 9; transcription regulator/ two-component response regulator (ARR9)</i>		-1,356
	Sb01g049040	<i>PPL1 - PsbP-like protein 1</i>		0,930
	Sb02g035610	<i>Oxygen-evolving enhancer protein 3, chloroplast, putative (PSBQ1) (PsbQ)</i>		0,930
	Sb02g002960	<i>Photosystem I subunit K (PsaK)</i>		0,791
	Sb08g005300	<i>Photosystem I subunit N (PsaN)</i>		0,668
	Sb06g016090	<i>Photosystem I subunit O (PsaO)</i>		0,802
	Sb03g027030	<i>Light-harvesting chlorophyll-protein complex II subunit B1 (LHCB1)</i>	-0,425	1,321
	Sb03g027040	<i>Light-harvesting chlorophyll-protein complex II subunit B1 (LHCB1)</i>		0,700
Reestruturação/rep o dos PSI e II	Sb02g036380	<i>Light-harvesting chlorophyll-protein complex II subunit B3 (LHCB3)</i>	-0,357	0,886
	Sb05g007070	<i>Light-harvesting chlorophyll-protein complex II subunit B5 (LHCB5)</i>		
	Sb06g032690	<i>Light-harvesting chlorophyll-protein complex II subunit B6 (LHCB6)</i>		0,676
	Sb04g007200	<i>ATP synthase subunit beta, chloroplastic</i>		-0,812
	Sb07g000620	<i>FED A; 2 2Fe-2S ferredoxin-like</i>		-0,733
	Sb06g028490	<i>Accumulation of photosystem one 1) (APO1)</i>	-2,852	2,751
	Sb03g017600	<i>Photosystem II CP47 reaction center protein;PsbB</i>		0,736

* Genes que não possuem $p\text{-value} < 0,05$.

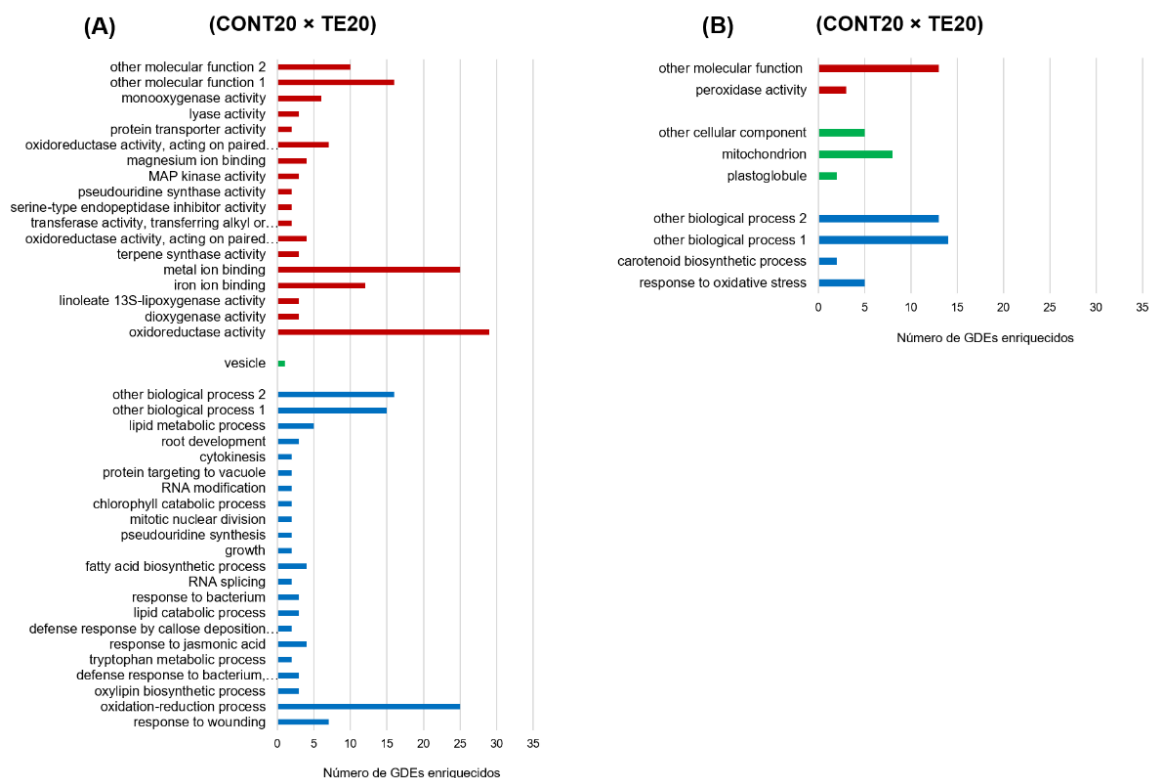
Fonte: elaborado pelo autor.

7.3.4.2 Genes modulados pela temperatura elevada

Sob estresse por temperatura elevada (CONT20 × TE20), plantas do genótipo CSF20 apresentaram incrementos, principalmente, na expressão de genes envolvidos em processos de óxido-redução (25 genes), catabolismo da clorofila [*NYE1* (ID: Sb02g030830) e *CLH1* (ID: Sb07g024090)], metabolismo de lipídeos [*PLCA*(ID: Sb02g031090), *PLA2A*(ID: Sb05g024380), 2 genes *PLP4* (IDs: Sb05g024390 e Sb05g026990) e *Lipaseclass 3* (ID: Sb09g001420)], bem como de genes da via de sinalização da MAPK, especialmente, *MKK2* (ID: Sb10g003310) e *MKK3* (ID: Sb07g014650)] e o fator de transcrição *WRKY60*(ID: Sb04g005520) (**Figura 23A;Tabelas 7 e S1**). Já os genes envolvidos com a biossíntese de carotenoides [*PHT2;1* (ID: Sb04g024630) e *PSY*(ID: Sb10g031020)] e resposta ao estresse oxidativo [*DPPD*(ID: Sb01g009660), *POX*(ID: Sb01g029660), *RCI3*(ID: Sb01g049140), *PER* (ID: Sb02g001135) e *PER64* (ID: Sb04g038610)] foram regulados negativamente frente ao estresse térmico (**Figura 23B;Tabelas 7 e S1**).

Figura 23.Classificação dos genes diferencialmente expressos (GDEs) em categorias ontológicas (GO). O montante de GDEs regulados positivamente (**A**) e negativamente (**B**) pela temperatura elevada no genótipo CSF20 (TE20), em comparação ao controle (CONT20), é apresentado dentro dos termos processo biológico (azul), componente celular (verde) e função molecular (vermelho). O padrão de modulação foi estabelecido utilizando a expressão dos genes das plantas controle (CONT20) como referência.

Categorias ontológicas - CSF20



Fonte: elaborado pelo autor.

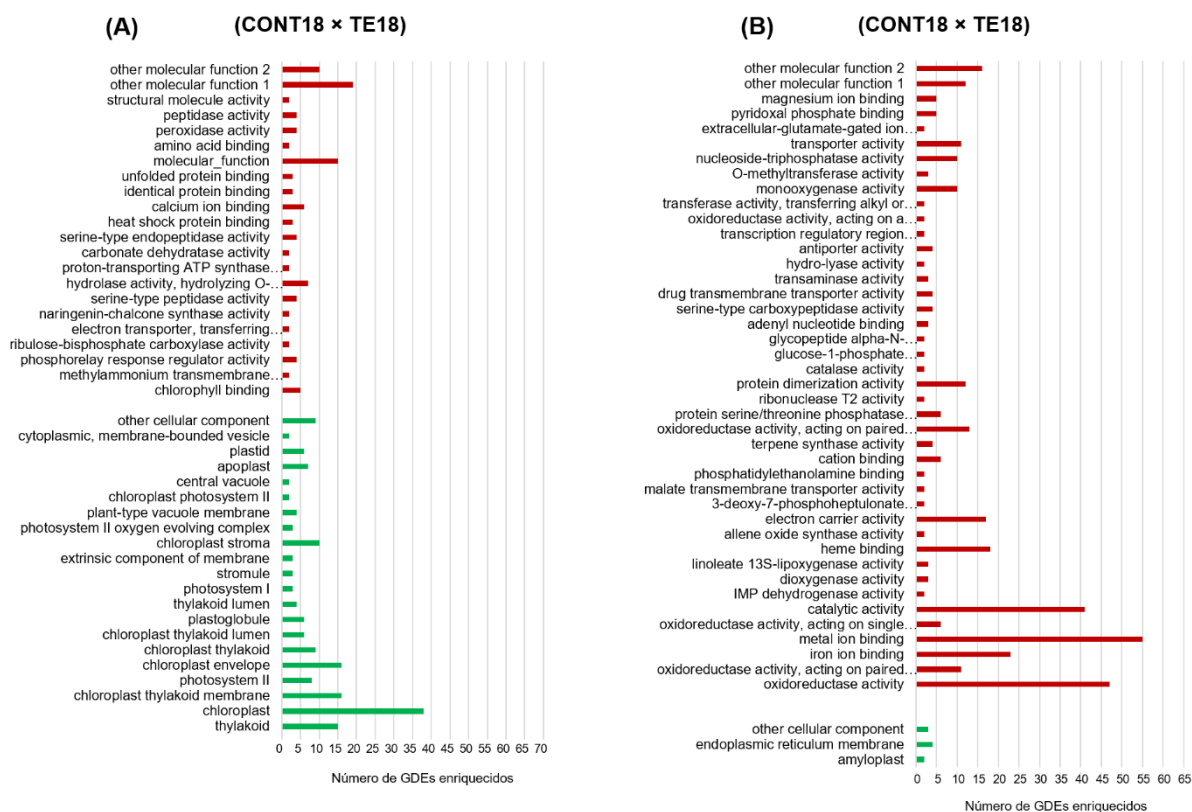
Por outro lado, os genes modulados positivamente pela temperatura elevada nas plantas CSF18 estão envolvidos com a organização das membranas dos tilacóides [*DEGP8*(ID: Sb06g018930), *CYP38*(ID: Sb07g019320) e *CRB* (ID: Sb08g005500)] e dos cloroplastos [*SAMC1*(ID: Sb04g028930), Protein *STAY-GREENLIKE* (ID: Sb06g020740) e *CRB* (ID: Sb08g005500)], biossíntese de carotenoides [*AMHR2*(ID: Sb02g023760), *CYP38* (ID: Sb07g019320) e *CRB* (ID: Sb08g005500)] e clorofila [*HEMA1*(ID: Sb06g030160), *CYP38* (ID: Sb07g019320) e *CRB* (ID: Sb08g005500)], metabolismo de carboidratos [3 genes *GH3* (IDs: Sb0010s007570, Sb04g027700 e Sb01g008030), *CHT2* (ID: Sb01g021920), *EXGA* (ID: Sb01g024390), *FBA* (ID: Sb01g039980), *FUC1* (ID: Sb02g030220), *BAM5* (ID: Sb02g035600), *PGM* (ID: Sb03g028080), *CWINV2* (ID: Sb04g021810) e *BG* (ID: Sb09g018730)] (**Figuras 24A, Tabelas 7 e S2**), fotossíntese (reestruturação/reparo dos fotossistemas I e II e assimilação de CO₂)[*PPL1- PsbP-like* (ID: Sb01g049040), *PsbB*(ID: Sb03g017600); *PsbQ*(ID: Sb04g023940) e *PsBO-2* (ID: Sb10g028120), *LHCB1* (IDs: Sb03g027030e Sb03g027040), *LHCB3*(ID: Sb02g036380) e *LHCB6* (ID: Sb06g032690), ATP sintase (ID: Sb04g007200) e *FEDA*(ID: Sb07g000620)]

(**Figuras 24A e 26; Tabelas 7 e S2**), processo de óxido-redução (17 genes), respostas a hormônios vegetais [*PPL1 - PsbP-like*(ID: Sb01g049040), *CYP38*(ID: Sb07g019320), *CRB* (ID: Sb08g005500), 2 genes *CHS* (IDs: Sb05g020150 e Sb05g020230) e *IAA16* (ID: Sb08g020580)], fotorrespiração [*CRB* (ID: Sb08g005500) e *PRK* (ID: Sb09g000560)], cascata de sinalização da MAPK [*CYP38* (ID: Sb07g019320) e *CRB* (ID: Sb08g005500)], resposta ao estresse oxidativo [*PER50*(ID: Sb02g001130), 2 genes *PER*(IDs: Sb02g001140 e Sb02g037840), *CDSP32*(ID: Sb02g033120), *HSP17.6C-CI*(ID: Sb04g002330), 2 genes *CHS*(IDs: Sb05g020150 e Sb05g020230), *APX4* (ID: Sb06g027520) e *HEMA1* (ID: Sb06g030160)] (**Figura 24A; Tabelas 7 e S2**) e cloroplasto (38 genes).

Em contraste, nesse mesmo genótipo, houve regulação negativa de genes relativos a fitohormônios [3 genes *PP2C*(IDs: Sb01g039890, Sb02g022090 e Sb03g039630), *P5CS2*(ID: Sb03g039820), *LOX1*(ID: Sb03g042440), dois genes *LOX5*(IDs: Sb01g011050 e Sb06g031350), *AATP1*(ID: Sb08g023150), *RCI2A*(ID: Sb09g003060), *CYP79B2*(ID: Sb10g022470), *PAP1*(ID: Sb03g003200), *SAUR_B*(ID: Sb06g001800), *ARF6* (ID: Sb06g032500) e 19(ID: Sb10g029130), *AXR3*(ID: Sb09g005430), 2 genes *AOS* (IDs: Sb01g007000 e Sb01g042270) e *ILL6* (ID: Sb10g028140)], biossíntese de ácidos graxos [*LOX1*(ID: Sb03g042440), dois genes *LOX5*(IDs: Sb01g011050 e Sb06g031350), *SMO1-1*(ID: Sb03g021040) e *SSI2*(ID: Sb06g012520)], metilação [*NAMT1*(ID: Sb02g003810), *NMT3*(ID: Sb03g031950), *OMT1*(ID: Sb07g004690), dois genes *OMT2* (IDs: Sb09g025540 e Sb09g025570) e dois genes *JMT* (IDs: Sb09g000290 e Sb10g008730)], processo de óxido-redução (58 genes), resposta ao estresse oxidativo [*CAT1* (ID: Sb04g001130) e *CAT2* (ID: Sb01g048280), 2 genes *PER*(IDs: Sb05g001000 e Sb09g004650), *PER17*(ID: Sb02g027330), *IFR*(ID: Sb03g008760), *P5CS2* (ID: Sb03g039820), *PMSR2* (ID: Sb06g020380) e *TRX-M4* (IDs: Sb06g023440)], resposta a karriquina [*SIP2*(ID: Sb01g004130), *SRK2E*(ID: Sb01g033570), 2 genes *2OG-Fe(II) oxygenase*(IDs: Sb01g038520 e Sb09g002350), *GSTU18*(ID: Sb03g031790), *C4H*(ID: Sb03g038160), *PMSR2* (ID: Sb06g020380) e *NFD4* (ID: Sb10g005340)](**Figura 24B; Tabelas 7 e S2**).

Figura 24. Continua.....

Categorias ontológicas – CSF18



Fonte: elaborado pelo autor.

Figura 24. Classificação dos genes diferencialmente expressos (GDEs) em categorias ontológicas (GO). O montante de GDEs regulados positivamente **(A)** e negativamente **(B)** pela temperatura elevada no genótipo CSF18 (TE18), em comparação ao controle (CONT18), é apresentado dentro dos termos processo biológico (azul), componente celular (verde) e função molecular (vermelho). O padrão de modulação foi estabelecido utilizando a expressão dos genes das plantas controle (CONT18) como referência.

Categorias ontológicas – CSF18



Fonte: elaborado pelo autor.

Vale ressaltar, que embora a expressão de inúmeros genes tenha aumentado em resposta ao excesso de temperatura no genótipo CSF18, quando comparado ao controle (**Figura 24A**), não houve a ativação em potencial de vias metabólicas nas plantas desse genótipo em relação às plantas do genótipo CSF20 (**Figuras 25A e 25B**).

Nesse sentido, quando os GDEs das plantas estressadas com temperatura elevada (TE20 × TE18) foram comparados, plantas CSF20 apresentaram maior número de genes regulados positivamente, os quais foram enquadrados em diferentes termos do GO (**Figura 25B**), tais como; processos de transporte [*POT* (ID: Sb01g002990), *OCT7* (ID: Sb01g013910), *PTR1* (ID: Sb03g006420) e *PTR2* (ID: Sb01g027040), *TIM9* (ID: Sb01g049670), *Xanthine/uracilpermease* (ID: Sb02g021450), *GLR2.7* (ID: Sb02g025320), *GPT2* (ID: Sb02g034980), *PIP1;4* (ID: Sb04g037800), *MRP6* (ID: Sb10g022190) e *MRP14* (ID: Sb07g027770), dois genes *LP1* (IDs: Sb08g002680 e Sb08g002690) e *CAT8* (ID: Sb10g021160)]; resposta a fitohormônios [*LOX1* (ID: Sb03g042440), dois genes *LOX5* (IDs: Sb01g011050 e Sb06g031350), dois genes *PP2C* (IDs: Sb01g039890 e Sb03g039630), *P5CS2* (ID: Sb03g039820), *RCI2A* (ID: Sb09g003060), *AOS* (ID: Sb01g042270), *OPR3* (ID: Sb07g022500), *ILL6* (ID: Sb10g028140), *GA20OX1* (ID: Sb03g041900) e *GA20OX2* (ID: Sb09g025470) e *WRKY60* (ID: Sb04g005520)], karriquina [*SIP2* (ID: Sb01g004130), *2OG-Fe(II) oxygenase* (ID: Sb01g038520), *C4H* (ID: Sb03g038160), *PMSR2* (ID: Sb06g020380) e *NFD4* (ID: Sb10g005340)] e ao estresse oxidativo (*CAT1* (ID: Sb04g001130) e *CAT2* (ID: Sb01g048280), *PER17* (ID: Sb02g027330), *PER* (ID: Sb03g004380), *IFR* (ID: Sb03g008760), *P5CS2* (ID: Sb03g039820), *PMSR2* (ID: Sb06g020380), *TRX-M4* (ID: Sb06g023440) e *RCI3* (ID: Sb09g004650)], assim como também apresentaram maior expressão de genes relacionados a processos de óxido-redução (56 genes), processos biossintéticos em geral [*SQD2* (ID: Sb01g040150), *AR* (ID: Sb02g003520), *NAAT - A* (ID: Sb02g003530), *SS* (ID: Sb02g009870), *PSY* (ID: Sb02g032370), *PB* (ID: Sb03g010510), *AMT* (ID: Sb09g021360) e *APL2* (ID: Sb09g029610)], incluído a biossíntese de corismato [dois genes da *DAHPSynthase* (IDs: Sb01g033590 e Sb02g039660)]; além de outros processos metabólicos (26 genes) (**Figura 25B; Tabelas 7 e S3**).

Além dos genes já citados, também apresentaram maiores valores de expressão em plantas do genótipo CSF20 os genes relacionados ao metabolismo de ascorbato/glutationa, tais como *MDHAR* (IDs: Sb07g024320 e Sb07g003280) e *L-ascorbate oxidase* (ID: Sb10g022440) (**Tabelas 7, S1 e S3**); genes envolvidos na biossíntese de carotenoides, tais como *ABA1* (ID: Sb06g018220), *AAO3* (ID: Sb02g009120), *PSY* (ID: Sb02g032370) e *NCED3* (ID: Sb01g013520) (**Figura 27;**

Tabelas 7 e S3); atividade de monooxigenase, dentre os quais se destacam, 2 genes *TT7* (IDs: Sb08g018780 e Sb01g034730), *CYP71B2* (ID: Sb02g009410), *CYP51G1* (ID: Sb02g036650), 2 genes *CYP72A14* (IDs: Sb03g028690 e Sb03g028700), *CYP71A21* (ID: Sb07g000500) e *CYP79B2* (ID: Sb10g022470) e *C4H* (ID: Sb03g038160) (**Tabelas 7 e S3**) e fatores de transcrição *WRKY19* (ID: Sb03g028290) e *WRKY71* (ID: Sb03g028530); bem como os genes *CHZ1* (ID: Sb06g014430), 2 genes *HSPs* (IDs: Sb10g025730 e Sb04g006890), *PAO2* (ID: Sb06g028970), *PAO4* (ID: Sb06g032460) e *PAO5* (ID: Sb03g032650) (**Tabelas 7 e S3**). Além disso, o gene *HSP23.6-MITO* (ID: Sb10g007590) foi regulado positivamente nas comparações CONT20 x TE20 e TE20 x TE18 (**Tabelas 7, S1 e S3**).

Em resposta ao estresse por temperatura elevada, o padrão molecular de defesa das plantas CSF20 também envolveu a ativação de genes relacionados à biossíntese de aminoácidos (*PGDH* - ID: Sb07g021980, *DAHPh* - ID: Sb02g039660, *IGPS* - ID: Sb04g018290, *PDH* - ID: Sb10g029510, *CM2* - ID: Sb04g005480 e *GSR2* - ID: Sb01g010270) (**Figura 28; Tabelas 7 e S3**) sinalização da via MAPK (*PP2C* - IDs: Sb01g039890, Sb03g039630 e Sb09g022410 e *CAT1* e *CAT2* - IDs: Sb04g001130 e Sb01g048280) (**Figura 29; Tabelas 7 e S3**) e metabolismo do carbono (*G6PD6* - ID: Sb06g020640, *PGDH* - ID: Sb07g021980 e *GOX* - ID: Sb02g039250) (**Figura 30; Tabelas 7 e S3**).

Em contraste, os genes com maiores valores de expressão nas plantas estressadas do genótipo CSF18, em comparação às do genótipo CSF20, estão envolvidos com as respostas ao estresse oxidativo [*RCI3* (ID: Sb01g049140), *PER50* (ID: Sb02g001130) e *CHS* (ID: Sb05g020150)], fotossíntese [*LHCB3* (ID: Sb02g036380), *LHCB1* (ID: Sb03g027030) e *APO1* (ID: Sb06g028490)] e transdução de sinais intracelulares [*ARR3* (ID: Sb04g022780) e dois genes *ARR9* (IDs: Sb03g046040 e Sb08g001140)] (**Figura 25A; Tabelas 7 e S3**).

Figura 25. Categorização ontológica (GO) dos genes diferencialmente expressos (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipos CSF20 e CSF18, sob condições de temperatura elevada. Em **(A)**, número/categorização de genes com maiores valores de expressão nos tecidos das plantas CSF18, utilizando os níveis de expressão do CSF20 como referência. Em **(B)**, número/categorização de genes com maiores valores de expressão nos tecidos das plantas CSF20, utilizando os níveis

de expressão do CSF18 como referência. Em todos os casos, o montante de GDEs é apresentado dentro dos termos processo biológico (azul), componente celular (verde) e função molecular (vermelho).

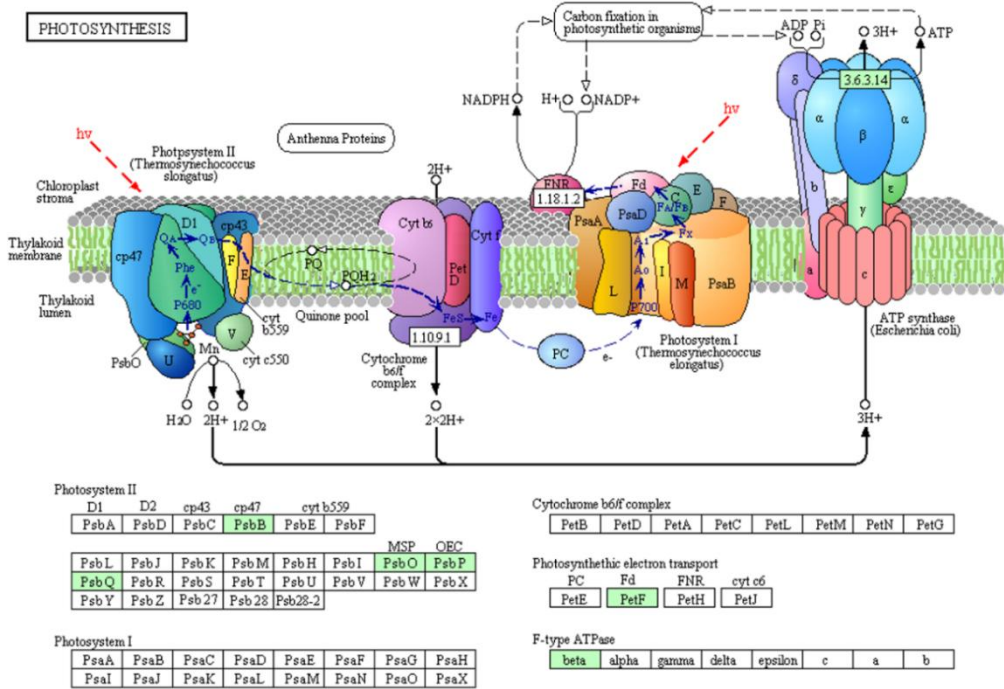


Fonte: elaborado pelo autor.

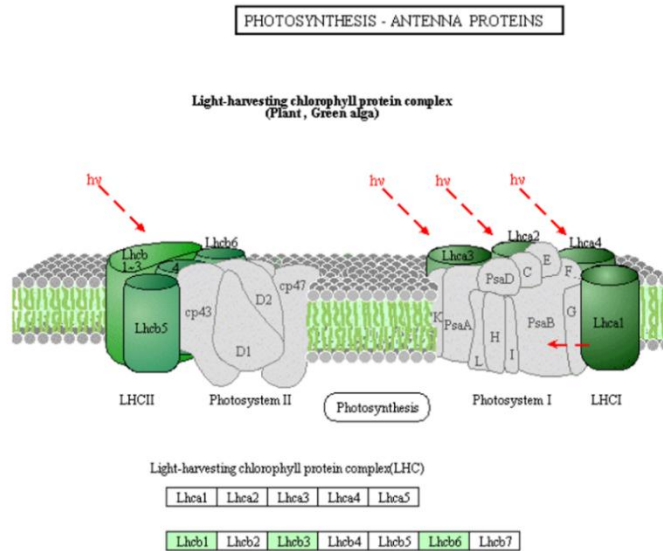
Figura 26. Genes estruturais do fotossistema II (PSII) expressos diferencialmente (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipo CSF18, em resposta ao estresse por temperatura elevada. Os GDEs modulados positivamente são destacados por caixas verdes. **(A)** Genes estruturais do PSII e **(B)** Genes relacionados aos complexos coletores de luz do PSII. **Abreviaturas: *PsbB* - Photosystem II CP47**

reaction center protein, **PsbO, PsbPePsaQ** - photosystem II subunit O, P e Q, respectivamente e **LHCB1, LHCB3 e LHCB6** - Light-harvesting chlorophyll b-binding protein B1, B3 e B6, respectivamente.

(A)



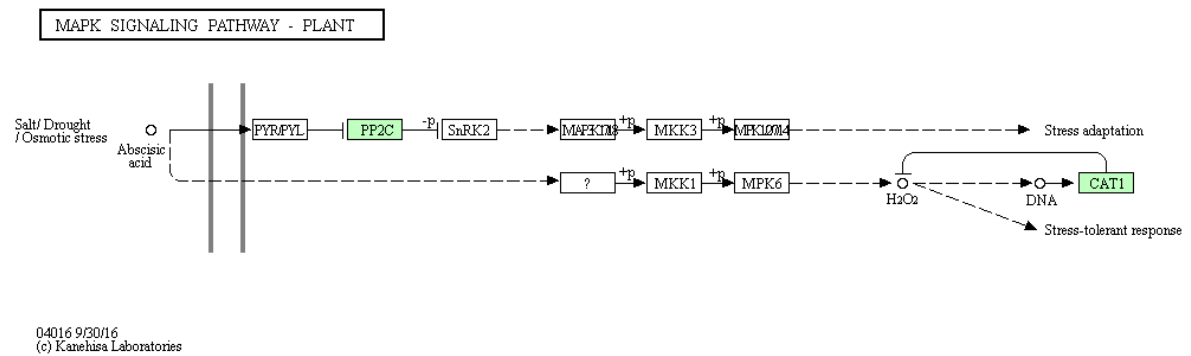
(B)



00196 11/16/10
(c) Kanehisa Laboratory

Fonte: elaborado pelo autor.

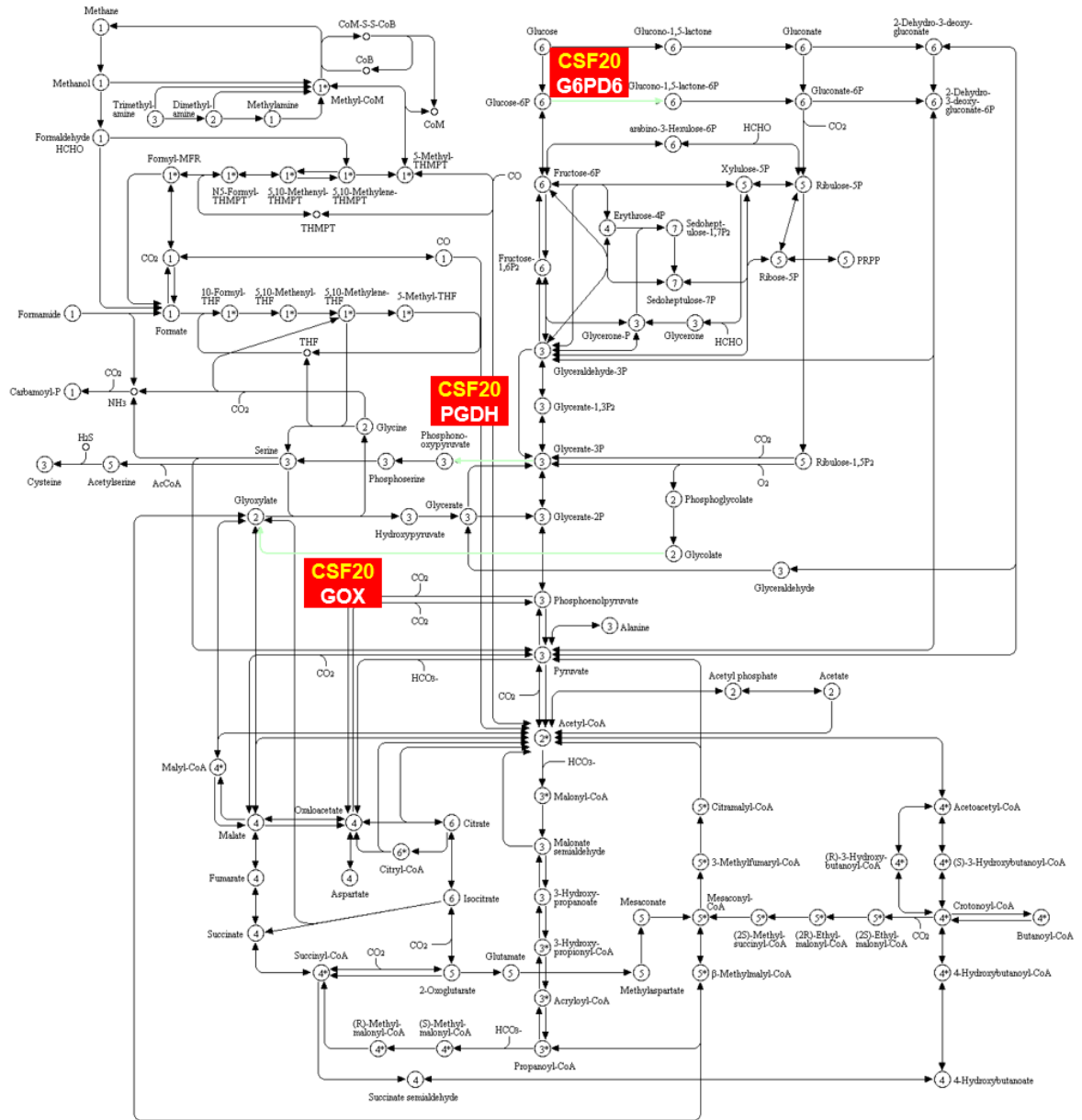
Figura 27. Genes da via de biossíntese de carotenoides expressos diferencialmente (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipo CSF20, em resposta à temperatura elevada. Os GDEs modulados positivamente são destacados por caixas verdes.



Fonte: elaborado pelo autor.

Figura 30. Genes das vias de metabolismo de carbono expressos diferencialmente (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipo CSF20, em resposta ao tratamento com temperatura elevada. Os GDEs modulados positivamente são destacados por linhas verdes. **Abreviaturas:** **G6PD6** - *Glucose-6-phosphate dehydrogenase 6*, **PGDH** - *3-phosphoglycerate dehydrogenase* e **GOX** - *Glycolate oxidase*.

CARBON METABOLISM



01200 6/11/15
 (c) Kanehisa Laboratories

Fonte: elaborado pelo autor.

Tabela 7. Genes diferencialmente expressos - GDEs (p -value < 0,05) em plantas de dois genótipos de sorgo (CSF20 e CSF18) submetidas ao tratamento com temperatura elevada. Comparações CONT20 x TE20, CONT18 x TE18 e TE20 x TE18. Detalhes adicionais ver **tabela 6**.

Processo biológico	ID	Anotação	CONT20 x TE20	CONT18 x TE18	TE20 x TE18
Respostas e vias de sinalização do ABA	Sb01g039890	<i>Protein phosphatase 2C (PP2C)</i>	1,196		-3,452
	Sb04g034190	<i>Abscisic acid responsive elements factor 2 (ABF2)</i>	0,584		
	Sb03g042440	<i>Lipoxygenase 1 (LOX1)</i>			-4,365
	Sb01g011050	<i>Lipoxygenase 5 (LOX5)</i>			-3,340
	Sb06g031350	<i>Lipoxygenase 5 (LOX5)</i>			-1,212
	Sb03g039630	<i>Protein phosphatase 2C (PP2C)</i>			-1,207
	Sb03g026070	<i>Protein serine/threonine phosphatase (HAB2)</i>			
	Sb03g039820	<i>Delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthase 2 (P5CS2)</i>			-1,409
Regulação negativa do ABA	Sb09g022410	<i>Protein phosphatase 2C (PP2C)</i>			-3,458
	Sb09g026860	<i>Protein serine/threonine phosphatase (HAB1 homology to ABI1)</i>			-1,973
Condutância estomática	Sb01g039890	<i>Protein phosphatase 2C (PP2C)</i>			-3,452
	Sb03g039630	<i>Protein phosphatase 2C (PP2C)</i>			-1,207
Catabolismo da clorofila	Sb02g030830	<i>Non-yellowing 1 (NYE1)</i>	0,815		
	Sb07g024090	<i>Coronatine-induced protein 1 (CLH1)</i>	0,526		
	Sb02g031090	<i>1-phosphatidylinositol phosphodiesterase-related (PLCA)</i>	0,468		
Metabolismo de lipídeos	Sb05g024380	<i>Phospholipase A 2A (PLA2A)</i>	0,890		
	Sb05g024390	<i>Patatin-like protein 4 (PLP4)</i>	0,653		
	Sb05g026990	<i>Patatin-like protein 4 (PLP4)</i>	1,039		
	Sb09g001420	<i>Lipase class 3 family protein</i>	1,021		
	Sb10g003310	<i>MAP kinase kinase 2 (MKK2)</i>	1,362		-1,242
	Sb07g014650	<i>MAP kinase kinase 3 (MKK3)</i>	0,961		
Sinalização da MAPK	Sb07g019320	<i>Cyclophilin 38 (CYP38)</i>		0,921	
	Sb08g005500	<i>Chloroplast RNA binding (CRB)</i>		0,814	
	Sb01g039890	<i>Protein phosphatase 2C (PP2C)</i>			-3,452
	Sb03g039630	<i>Protein phosphatase 2C (PP2C)</i>			-1,207
	Sb09g022410	<i>Protein phosphatase 2C (PP2C)</i>			-3,458
	Sb09g022410	<i>Protein phosphatase 2C (PP2C)</i>			-3,458
	Sb04g001130	<i>Catalase 1 (CAT1)</i>			-1,736
	Sb01g048280	<i>Catalase 2 (CAT2)</i>			-0,855
	Sb3219s002010	<i>Basic chitinase (CHIB)</i>			-2,934

	Sb03g033190	<i>Map kinase kinase 6 (MKK6)</i>			-1,691
	Sb04g005520	<i>Transcription factor (WRKY60)</i>	1,651	-0,970	-3,514
	Sb03g028290	<i>Transcription factor (WRKY19)</i>		-1,321	-1,075
Fatores de transcrição	Sb03g028530	<i>Transcription factor (WRKY71)</i>			Reprimido
	Sb07g020090	<i>Transcription factor RAP2.13 (related to AP213)</i>			-0,741
	Sb09g022060	<i>Transcription factor MYB DNA</i>			0,822
	Sb01g045060	<i>Transcription factor RAP2.12 (related to AP2 12)</i>			0,932
	Sb04g024630	<i>Phosphate transporter 2;1 (PHT2;1)</i>	-0,682		
	Sb10g031020	<i>Phytoene synthase (PSY)</i>	-1,226		
Biossíntese de carotenoides/ clorofila	Sb02g023760	<i>Anti-muellerian hormone type-2 receptor (AMHR2)</i>		1,090	
	Sb07g019320	<i>Cyclophilin 38 (CYP38)</i>		0,921	
	Sb08g005500	<i>Chloroplast rna binding (CRB)</i>		0,814	
	Sb06g030160	<i>Glutamyl-tRNA reductase (HEMA1)</i>		0,965	
	Sb06g018220	<i>ABA deficient 1; zeaxanthin epoxidase (ABA1)</i>			-0,678
	Sb02g009120	<i>Abscisic aldehyde oxidase 3 (AAO3)</i>			-1,134
	Sb01g013520	<i>Nine-cis-epoxycarotenoid dioxygenase 3 (NCED3)</i>			-2,577
	Sb02g032370	<i>Phytoene synthase (PSY)</i>			-2,627
Metabolismo do ascorbato/glutaciona	Sb07g003280	<i>Monodehydroascorbate reductase (MDHAR)</i>	1,532		
	Sb07g024320	<i>Monodehydroascorbate reductase (MDHAR)</i>			-0,810
	Sb10g022440	<i>L-ascorbate oxidase</i>	0,592		-2,870
	Sb01g017940	<i>Phosphatidyl inositol monophosphate 5 kinase (PIP5K9)</i>	1,636		
	Sb02g003520	<i>Aminotransferase-related (AR)</i>	1,114		
	Sb03g038160	<i>Cinnamate-4-hydroxylase (C4H)</i>	0,758		
Metabolismo de aminoácidos	Sb07g021980	<i>3-Phosphoglycerate dehydrogenase (PGDH)</i>			-0,694
	Sb02g039660	<i>2-dehydro-3-deoxyphosphoheptonate aldolase (DAHP)</i>			-0,763
	Sb04g018290	<i>Indole-3-glycerol phosphate synthase (IGPS)</i>			-1,982
	Sb10g029510	<i>Prephenate dehydrogenase family protein (PDH)</i>			-0,826
	Sb04g005480	<i>Chorismate mutase 2 (CM2)</i>			-0,725
	Sb01g010270	<i>Glutamate-ammonia ligase/glutamine synthetase (GSR2)</i>			-2,502
		Sb03g042440	<i>Lipoxygenase 1 (LOX1)</i>	0,684	-4,825
	Sb01g011050	<i>Lipoxygenase 5 (LOX5)</i>	0,837	-3,743	-3,340
	Sb01g042270	<i>Allene oxide synthase (AOS)</i>	0,908	-3,662	-3,233
	Sb01g007000	<i>Allene oxide synthase (AOS)</i>		-1,468	
Resposta a fitohormônios	Sb06g031350	<i>Lipoxygenase 5 (LOX5)</i>		-1,061	-1,212
	Sb10g028140	<i>IAA-amino acid conjugate hydrolase (ILL6)</i>		-1,133	-0,932
	Sb10g022470	<i>Cytocrome P450 79B2 (CYP79B2)</i>		-4,010	
	Sb03g041900	<i>Gibberellin 20-oxidase GA20OX1</i>		-3,291	-3,896
	Sb09g025470	<i>Gibberellin 2-oxidase (GA2OX2)</i>		-2,749	-2,922

	Sb08g020580	Transcription factor IAA16		1,020	
	Sb07g019320	Cyclophilin 38 (CYP38)		0,921	
	Sb01g039890	Protein phosphatase 2C (PP2C)		-3,785	-3,452
	Sb02g022090	Protein phosphatase 2C (PP2C)		-2,470	
	Sb03g039630	Protein phosphatase 2C (PP2C)		-1,714	-1,207
	Sb03g039820	Delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthase 2) (P5CS2)		-2,115	-1,409
	Sb08g023150	AAA-ATPase (1 AATP1)		-1,104	
	Sb09g003060	(Rare-cold-inducible 2A) RC12A		-2,122	-1,515
	Sb03g003200	Phytochrome-associated protein 1 (PAP1)		-1,484	
	Sb06g001800	Auxin-responsive protein, putative / small auxin up RNA (SAUR_B)		Reprimido	
	Sb06g032500	Auxin response factor 6 (ARF6)		-0,848	
	Sb10g029130	Auxin response factor 19 (ARF19)		-1,488	
	Sb09g005430	Auxin resistant 3 (AXR3)		-1,735	
	Sb01g049040	PPL1 - PsbP-like protein 1		0,830	
	Sb08g005500	Chloroplast RNA binding (CRB)		0,814	
	Sb05g020150	Naringenin-chalcone synthase (CHS)		1,145	
	Sb05g020230	Naringenin-chalcone synthase (CHS)		0,959	
	Sb07g022500	Opda-reductase 3 (OPR3)			-0,734
	Sb04g005520	Transcription factor (WRKY60)			-3,514
	Sb02g036380	Light-harvesting chlorophyll B-binding protein 3 (LHCB3)		1,019	0,665
	Sb03g027030	Light-harvesting chlorophyll B-binding protein 1 (LHCB1)	-0,478	1,464	0,797
	Sb01g049040	PPL1 - PsbP-like protein 1		0,830	
	Sb03g017600	Photosystem II CP47 reaction center protein (PsbB)		0,979	
	Sb03g027040	Light-harvesting chlorophyll B-binding protein 1 (LHCB1)		1,171	
	Sb04g023940	Oxygen evolving enhancer 3 (PsbQ) family protein		0,796	
	Sb06g032690	Light-harvesting chlorophyll B-binding protein 6 (LHCB6)		0,971	
	Sb10g028120	Photosystem II subunit O-2 (PsbO2)		Induzido	
	Sb04g007200	ATP synthase epsilon chain, chloroplastic;		1,463	
	Sb07g000620	FED A; 2 2Fe-2S ferredoxin-like		1,008	0,688
	Sb06g028490	Accumulation of photosystem one 1) (APO1)			0,999
	Sb03g020182	Ribulose biphosphate carboxylase large chain (RBCL)		1,087	
	Sb06g018930	Protease Do-like 8 chloroplastic (DEGP8)		0,835	
	Sb07g019320	Cyclophilin 38 (CYP38)		0,921	
	Sb08g005500	Chloroplast RNA binding (CRB)		0,814	
	Sb04g028930	SAMC1 (S-adenosylmethionine carrier 1 (SAMC1)		0,880	
Fotossíntese: Fixação de CO₂ Reestruturação/repar o dos PSI e II					
Organização das membranas dos tilacóides e cloroplastos					

	Sb06g020740	<i>Protein STAY-GREEN LIKE</i>	1,447	
	Sb0010s007570	<i>Glycosyl hydrolase family 3 protein (GH3)</i>	0,852	
	Sb04g027700	<i>Glycosyl hydrolase family 3 protein (GH3)</i>	1,171	
	Sb01g008030	<i>Glycosyl hydrolase family 3 protein (GH3)</i>	1,399	
	Sb01g021920	<i>Chitinase 2 precursor (CHT2)</i>	0,997	
	Sb01g024390	<i>Probable glucan 1,3-beta-glucosidase A (EXGA)</i>	1,398	
Metabolismo docarbo- hidra- tos	Sb01g039980	<i>Fructose-1,6-bisphosphatase (FBA)</i>	0,848	
	Sb02g030220	<i>Alpha-L-fucosidase 1 (FUC1)</i>	1,223	
	Sb02g035600	<i>Beta-amylase 5 (BAM5)</i>	0,856	
	Sb03g028080	<i>Phosphoglucomutase (PGM)</i>	0,847	
	Sb06g020640	<i>Glucose-6-phosphate dehydrogenase 6 (G6PD6)</i>		-1,407
	Sb07g021980	<i>3-Phosphoglycerate dehydrogenase (PGDH)</i>		-0,694
	Sb02g039250	<i>Glycolate oxidase (GOX)</i>		-1,340
	Sb04g021810	<i>Cell wall invertase 2 (CWINV2)</i>	1,002	0,698
	Sb09g018730	<i>Glucan endo-1,3-beta-glucosidase (BG)</i>	13,438	
		Sb08g005500	<i>Chloroplast RNA binding (CRB)</i>	0,814
Fotorrespiração	Sb09g000560	<i>Phosphoribulokinase (PRK)</i>	0,780	
	Sb02g001130	<i>Peroxidase 50 (PER50)</i>	Induzido	Induzido
	Sb02g001140	<i>Peroxidase (PER)</i>	1,217	
	Sb02g037840	<i>Peroxidase (PER)</i>	0,861	
	Sb02g033120	<i>Chloroplastic drought-induced stress protein of 32 KD (CDSP32)</i>	0,888	
	Sb04g002330	<i>17.6 kDa class I small heat shock protein (HSP17.6C-CI)</i>	0,896	
	Sb05g020150	<i>Naringenin-chalcone synthase (CHS)</i>	1,145	0,650
	Sb05g020230	<i>Naringenin-chalcone synthase (CHS)</i>	0,959	
	Sb06g027520	<i>Ascorbate peroxidase 4 (APX4)</i>	0,841	
Resposta ao estresse oxidativo	Sb04g001130	<i>Catalase 1 (CAT1)</i>	-1,021	-1,736
	Sb01g048280	<i>Catalase 2 (CAT2)</i>	-1,061	-0,855
	Sb05g001000	<i>Peroxidase (PER)</i>	-0,786	
	Sb02g027330	<i>Peroxidase 17 (PER17)</i>	-1,252	-0,947
	Sb09g004650	<i>Rare cold inducible gene 3 (RCI3)</i>	-1,174	-0,873
	Sb03g008760	<i>Isoflavone reductase (IFR)</i>	-1,696	-1,288
	Sb03g039820	<i>Delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthase 2 (P5CS2)</i>	-2,115	-1,409
	Sb06g020380	<i>Peptidomethionine sulfoxide reductase 2 (PMSR2)</i>	0,842	-3,831
	Sb06g023440	<i>THIOREDOXIN M-TYPE 4 (TRX-M4)</i>	-1,032	-0,849
	Sb10g007590	<i>Mitochondrion-localized small heat shock protein 23.6) HSP23.6-MITO</i>	2,560	1,077
	Sb02g001135	<i>Peroxidase (PER)</i>	Reprimido	
	Sb04g038610	<i>Peroxidase 64 (PER64)</i>	-0,646	

	Sb01g009660	<i>Dipeptide transport ATP-binding protein (DPPD)</i>	-0,628	
	Sb01g029660	<i>Proline oxidase (POX)</i>	-0,617	
	Sb01g049140	<i>Rare cold inducible gene 3 (RCI3)</i>	-1,197	1,360
	Sb01g002430	<i>Calreticulin 1 (CRT1)</i>		1,139
	Sb03g004380	<i>Peroxidase (PER)</i>		-1,206
	Sb07g022250	<i>Respiratory burst oxidase protein E /NADPH oxidase (RBOHE)</i>		-3,323
Biossíntese de ácidos graxos	Sb03g042440	<i>Lipoxygenase 1 (LOX1)</i>	-4,825	
	Sb01g011050	<i>Lipoxygenase 5 (LOX5)</i>	-3,743	
	Sb06g031350	<i>Lipoxygenase 5 (LOX5)</i>	-1,061	
	Sb03g021040	<i>Sterol-4alpha-methyl oxidase 1-1 (SMO1-1)</i>	-2,872	
	Sb06g012520	<i>Acyl-[acyl-carrier-protein] desaturase/ stearoyl-CoA 9-desaturase (SSI2)</i>	-1,110	
Metilação	Sb02g003810	<i>S-adenosylmethionine-dependent methyltransferase (NAMT1)</i>	-1,918	
	Sb03g031950	<i>Phosphoethanolamine N-methyltransferase 3 (NMT3)</i>	-1,579	
	Sb07g004690	<i>O-methyltransferase 1 (OMT1)</i>	-1,222	
	Sb09g025540	<i>O-methyltransferase 2 (OMT2)</i>	-1,974	
	Sb09g025570	<i>O-methyltransferase 2 (OMT2)</i>	-2,694	
	Sb09g000290	<i>Jasmonic acid carboxyl methyltransferase (JMT)</i>	-2,205	
	Sb10g008730	<i>Jasmonic acid carboxyl methyltransferase (JMT)</i>	-3,081	
Resposta a karriquina	Sb01g004130	<i>Seed imbibition 2 (SIP2)</i>	-1,101	-0,760
	Sb01g033570	<i>Serine/threonine-protein kinase (SRK2E)</i>	-1,030	
	Sb01g038520	<i>Oxidoreductase, 2OG-Fe(II) oxygenase family protein</i>	-2,543	-2,280
	Sb09g002350	<i>Oxidoreductase, 2OG-Fe(II) oxygenase family protein</i>	-1,700	
	Sb03g031790	<i>Glutathione S-transferase TAU 18 (GSTU18)</i>	-2,814	
	Sb03g038160	<i>Cinnamate-4-hydroxylase (C4H)</i>	-3,140	-2,793
	Sb06g020380	<i>Peptidomethionine sulfoxide reductase 2 (PMSR2)</i>	-3,831	-3,519
	Sb10g005340	<i>Protein NUCLEAR FUSION DEFECTIVE 4-likenodulin family protein (NFD4)</i>	-1,411	-0,821
Transporte	Sb01g002990	<i>Proton-dependent oligopeptide transport (POT)</i>		-0,956
	Sb01g013910	<i>Organic cation/carnitine transporter 7 (OCT7)</i>		-1,304
	Sb03g006420	<i>Peptide transporter 1 (PTR1)</i>		-0,952
	Sb01g027040	<i>Peptide transporter 1 (PTR2)</i>		-1,233
	Sb01g049670	<i>Mitochondrial import inner membrane translocase subunit (TIM9)</i>		-0,702
	Sb02g021450	<i>Xanthine/uracil permease family protein</i>		-2,011
	Sb02g025320	<i>Glutamate receptor 2.7 precursor (GLR2.7)</i>		-1,421
	Sb02g034980	<i>Glutamic--pyruvic transaminase 2 (GPT2)</i>		-0,755
	Sb04g037800	<i>Plasma membrane intrinsic protein 1;4 (PIP1;4)</i>		-1,520

	Sb10g022190	<i>ATPase, coupled to transmembrane movement of substances (MRP6)</i>	-1,780	
	Sb07g027770	<i>ATPase, coupled to transmembrane movement of substances (MRP14)</i>	-0,792	
	Sb08g002680	<i>Calmodulin binding (LP1)</i>	-1,167	
	Sb08g002690	<i>Calmodulin binding (LP1)</i>	-0,629	
	Sb10g021160	<i>Cationic amino acid transporter 8 (CAT8)</i>	-1,365	
Processos biossintéticos em geral	Sb01g040150	<i>Sulfoquinovosyldiacylglycerol 2 UDP-glycosyltransferase (SQD2)</i>	-0,672	
	Sb02g003520	<i>Aminotransferase-related (AR)</i>	-1,628	
	Sb02g003530	<i>Nicotianamine aminotransferase A (NAT – A)</i>	-2,422	
	Sb02g009870	<i>Starch synthase (SS)</i>	-0,920	
	Sb02g032370	<i>Phytoene synthase (PSY)</i>	-2,627	
	Sb03g010510	<i>Phenazine biosynthesis PhzC/PhzF family protein/ isomerase BH0283-like (PB)</i>	-1,071	
	Sb09g021360	<i>Aminotransferase class I and II family protein (AMT)</i>	-0,693	
	Sb09g029610	<i>Glucose-1-phosphate adenylyltransferase (APL2)</i>	-1,239	
	Biossíntese de corismato	Sb01g033590	<i>2-dehydro-3-deoxyphosphoheptonate aldolase (DAPH)</i>	-1,027
		Sb02g039660	<i>2-dehydro-3-deoxyphosphoheptonate aldolase (DAPH)</i>	-0,763
Atividade de monooxigenase	Sb08g018780	<i>Flavonoid 3'-monooxygenase/ oxygen binding; (TT7, CYP75B1)</i>	-2,042	
	Sb01g034730	<i>Flavonoid 3'-monooxygenase/ oxygen binding; (TT7, CYP75B1)</i>	-1,464	
	Sb02g009410	<i>Cytochrome P450 71B2 (CYP71B2)</i>	-0,825	
	Sb02g036650	<i>Cytochrome P450 51G1 (CYP51G1)</i>	-3,642	
	Sb03g028690	<i>Cytochrome P450 72A14 (CYP72A14)</i>	-2,457	
	Sb03g028700	<i>Cytochrome P450 72A14 (CYP72A14)</i>	-2,577	
	Sb07g000500	<i>Cytochrome P450 71A21 (CYP71A21)</i>	-3,716	
	Sb10g022470	<i>Cytochrome P450 79B2 (CYP79B2)</i>	-3,834	
	Sb03g038160	<i>Cinnamate-4-hydroxylase (CH4)</i>	-2,793	
	Atividade chaperona e HSP	Sb06g014430	<i>Histone H2A.Z-specific chaperone CHZ1</i>	-0,833
Sb10g025730		<i>Heat shock protein binding / unfolded protein binding (DNAJ8)</i>	-0,983	
Sb04g006890		<i>26.5 kDa class I small heat shock protein-like (HSP26.5-P)</i>	-2,325	
Sb10g007590		<i>Mitochondrion-localized small heat shock protein 23.6 (HSP23.6-MITO)</i>	-0,794	
Metabolismo de poliaminas		Sb06g028970	<i>Polyamine oxidase 2 (PAO2)</i>	-1,331
	Sb03g032650	<i>Polyamine oxidase 5 (PAO5)</i>	-1,543	

	Sb06g032460	<i>Polyamine oxidase 4 (PAO4)</i>	-0,896
	Sb04g022780	<i>Response regulator 3; transcription regulator/ two-component response regulator (ARR3)</i>	0,960
Transdução de sinais intracelulares	Sb03g046040	<i>Response regulator 9; transcription regulator/ two-component response regulator (ARR9)</i>	0,741
	Sb08g001140	<i>Response regulator 9; transcription regulator/ two-component response regulator (ARR9)</i>	1,495
	Sb03g038160	<i>Cinnamate-4-hydroxylase (C4H)</i>	-2,793
Biossíntese de fenilpropanóides	Sb10g006270	<i>Cinnamyl-alcohol dehydrogenase (CAD)</i>	-1,450
	Sb02g027330	<i>Peroxidase 17 (PER17)</i>	-0,947

Fonte: elaborado pelo autor.

7.3.4.3 Genes modulados pelo estresse combinado

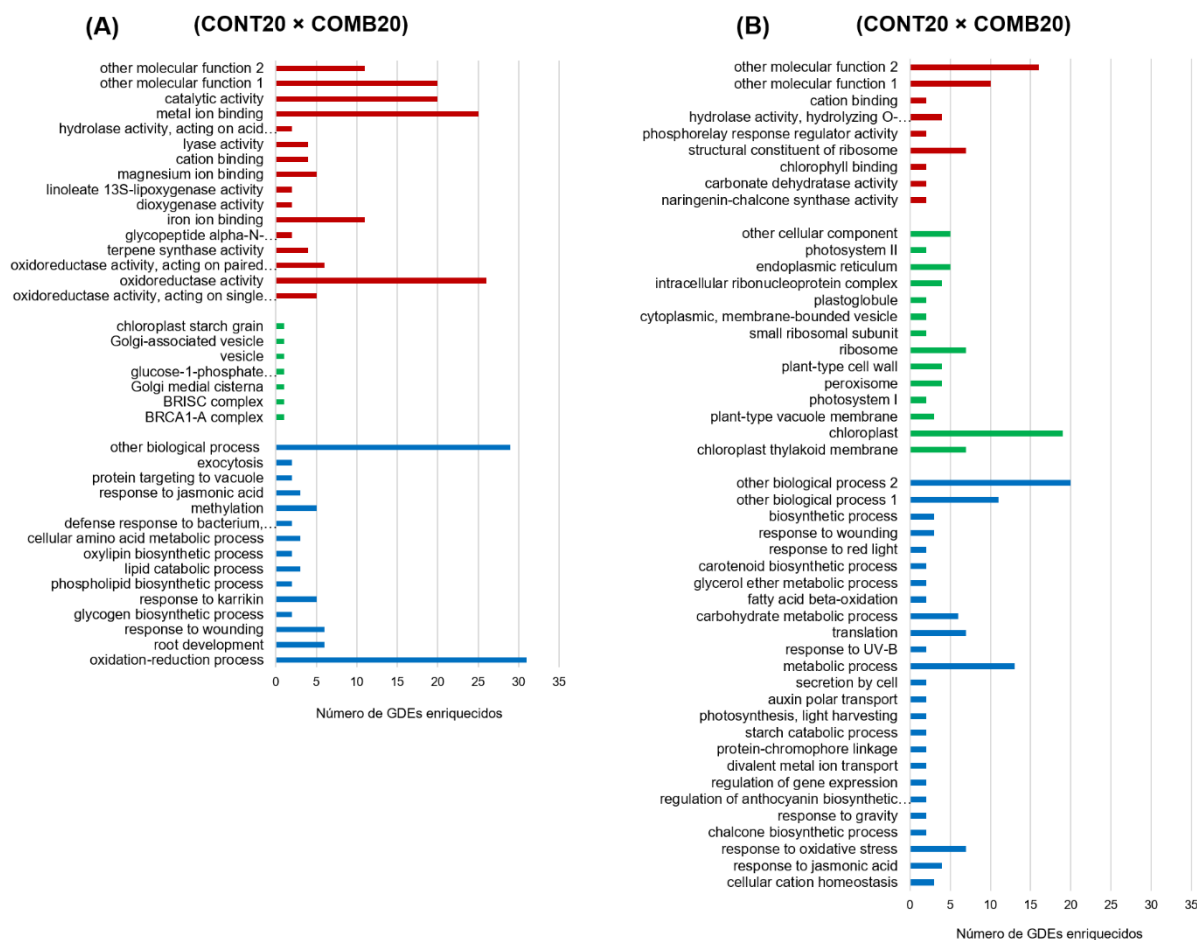
No presente estudo, os principais genes das plantas do genótipo CSF20 que apresentaram incrementos na expressão em resposta ao estresse combinado (salinidade + temperatura elevada) (CONT20 × COMB20) são envolvidos com o metabolismo de aminoácidos [*PIP5K9*(ID: Sb01g017940), *AR*(ID: Sb02g003520) e *BFRUCT* (ID: Sb04g022350)], biossíntese de fosfolipídeos [*PIGG*(ID: Sb04g035050) e *AAPT1* (ID: Sb10g006680)], resposta a karrikina [*SIP2* (ID:Sb01g004130), *2OG-Fe(II) oxygenase*(ID: Sb01g038520), *C4H*(ID: Sb03g038160), *PMSR2*(ID: Sb06g020380) e *NFD4* (ID: Sb10g005340)](**Figura 31A; Tabelas 8 e S1**) e processos de óxido- redução (31 genes). Contrariamente, os GDEs modulados negativamente são relacionados com a biossíntese de carotenoides [*AMHR2*(ID: Sb02g023760) e *PSY* (ID: Sb10g031020)], fotossíntese [*LHCB3*(ID: Sb02g036380) e *LCHB1*(ID: Sb03g027030)], com o metabolismo de carboidratos [*GH3*(ID: Sb01g008030) e *GH17*(ID: Sb03g034100), *EXGA*(ID: Sb01g024390), *FDPase*(ID: Sb01g039980), *ISA3*(ID: Sb02g027280) e *BAM5* (ID:Sb02g035600)], resposta ao estresse oxidativo [*PER*(ID: Sb02g001135), *PER64*(ID: Sb04g038610), *CDSP32*(ID: Sb02g033120), *ACO*(ID: Sb02g034590), dois genes *CHS*(IDs: Sb05g020150 e Sb05g020230) e *HEMA1* (ID:Sb06g030160)] e com a homeostase iônica [*CRR23* (ID: Sb02g024470), *HSP-DnaJ*(ID: Sb09g001120) e *DELTA-TIP* (IDs:Sb10g019360)], além de outros processos metabólicos (13 genes). (**Figura 31B; Tabelas 8 e S1**)

Quando os GDEs modulados pelo estresse salino foram confrontados com aqueles modulados pelo estresse combinado (SAL20 × COMB20), no genótipo CSF20, os genes que mostraram maior expressão nos tecidos das plantas sob estresse combinado estão relacionados com resposta a fitohormônios [Auxin-responsive family protein(ID: Sb01g017330), *PAP1*(ID: Sb03g003200), *MIF1*(ID: Sb05g001690), *SAUR_ D*(ID: Sb10g029050), *FLP1*(ID: Sb03g044960), *KDR*(ID: Sb01g022440), *LOX1* (ID: Sb03g042440) e *LOX5*(ID: Sb01g011050), *PP2C*(ID: Sb03g039630), *AATP1*(ID: Sb08g023150), *PTR3* (ID: Sb01g019630) e *AOS* (ID: Sb01g042270)] e processos de óxido - redução (21 genes)(**Figura 32A; Tabelas 8 e S1**).

Já na comparação temperatura *versus* estresse combinado (TE20 × COMB20), os principais GDEs regulados positivamente pelo estresse combinado estão relacionados com processos metabólicos que culminam nas respostas ao calor [*POM1*(ID: Sb02g028770), *RBOHD*(ID: Sb05g020380), *CHR12* (ID: Sb09g003430) e *HAB2* (IDs: Sb09g030600)], ao estresse hídrico [*POM1*(ID: Sb02g028770), *CHR12*(ID: Sb09g003430), *HAB2*(ID: Sb09g030600), *LEA* (ID: Sb01g001660) e *P5CS2* (ID: Sb03g039820)], transição da fase vegetativa para a reprodutiva [*TPR*(ID: Sb01g005910), *ABH1*(ID: Sb01g035510), *Vps51/Vps67family*(ID: Sb03g036240), *AGL12* (ID: Sb07g001250) e *REV1* (ID: Sb10g028100)](Figura 33A; Tabelas 8 e S1) e senescência [*SAG20* (ID: Sb01g038030), dentre outros (IDs: Sb07g020070, Sb01g045030e Sb05g026090) (Tabelas 8, S1e S3).

Figura 31. Classificação dos genes diferencialmente expressos (GDEs) em categorias ontológicas (GO). O montante de GDEs regulados positivamente (**A**) e negativamente (**B**) pelo estresse combinado no genótipo CSF20 (COMB20), em comparação ao controle (CONT20), é apresentado dentro dos termos processo biológico (azul), componente celular (verde) e função molecular (vermelho). O padrão de modulação foi estabelecido utilizando a expressão dos genes das plantas controle (CONT20) como referência.

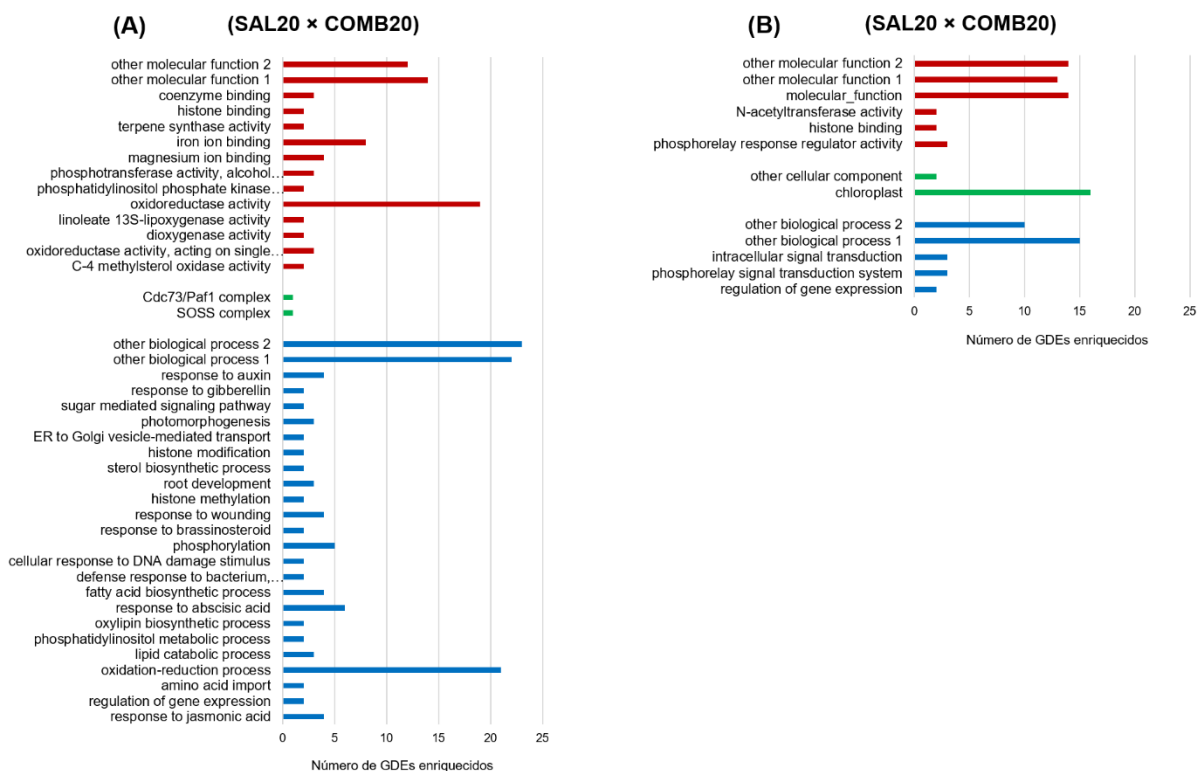
Categorias ontológicas - CSF20



Fonte: elaborado pelo autor.

Figura 32. Categorização ontológica (GO) dos genes diferencialmente expressos (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipo CSF20. Em **(A)**, número/categorização de genes com maiores valores de expressão na condição de estresse combinado (COMB20), utilizando os níveis de expressão das plantas estressadas com NaCl (SAL20) como referência. Em **(B)**, número/categorização de genes com maiores valores de expressão no estresse salino (SAL20), utilizando os níveis de expressão das plantas submetidas ao estresse combinado (COMB20) como referência. Em todos os casos, o montante de GDEs é apresentado dentro dos termos processo biológico (azul), componente celular (verde) e função molecular (vermelho).

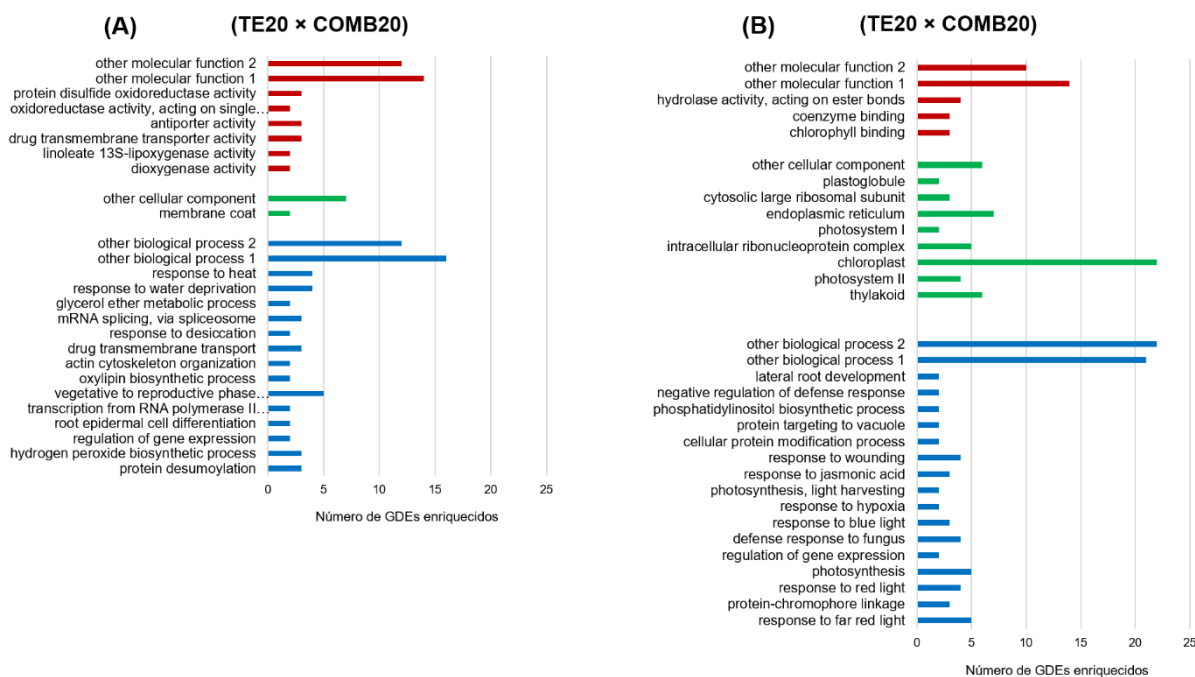
Categorias ontológicas - CSF20



Fonte: elaborado pelo autor.

Figura 33. Categorização ontológica (GO) dos genes diferencialmente expressos (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipo CSF20. Em **(A)**, número/categorização de genes com maiores valores de expressão na condição de estresse combinado (COMB20), utilizando os níveis de expressão de plantas submetidas a temperatura elevada (TE20) como referência. Em **(B)**, número/categorização de genes com maiores valores de expressão em condições de temperatura elevada (TE20), utilizando os níveis de expressão das plantas submetidas ao estresse combinado (COMB20) como referência. Em todos os casos, o montante de GDEs é apresentado dentro dos termos processo biológico (azul), componente celular (verde) e função molecular (vermelho).

Categorias ontológicas - CSF20



Fonte: elaborado pelo autor.

No genótipo CSF18, os GDEs modulados positivamente pelo estresse combinado envolvem produtos gênicos destinados à resposta mediada por brassinosteróides [*KDR*(ID: Sb01g022440) e *MIF2*(ID: Sb08g001830)] e outros processos metabólicos (12 genes)(**Figura 34A; Tabelas 8 e S2**). Por outro lado, o estresse combinado regulou negativamente a expressão de genes relacionados a processos de óxido-redução (23 genes), resposta a hormônios vegetais [dois genes *IAA16*(IDs: Sb08g020580e Sb01g014130), *AUX-IAAlike*(ID: Sb03g030740), *LUT2*(ID: Sb03g026020), *CYP38*(ID: Sb07g019320) e *ZEP*(ID: Sb08g001890)] e a processos envolvidos com fotossíntese: organização da membrana dos tilacóides [*DCOH*(ID: Sb01g002740), *TPR*(ID: Sb02g032820), *CYP38*(ID: Sb07g019320), *CRB*(ID: Sb08g005500) e *CTLP* (ID: Sb10g029300)], cadeia de transporte de elétrons [*PsbB*(ID: Sb03g017600), *FRO7*(ID: Sb06g017800) e *FED A 2* (ID: Sb07g000620)], biossíntese de clorofila [*HEMA1*(ID: Sb06g030160), *CYP38*(ID: Sb07g019320), *CRB*(ID: Sb08g005500) e *CTLP*(ID: Sb10g029300)]; e reestruturação/reparo dos fotossistemas e fixação de CO₂ [*PPL1 - PsbP-like*(ID: Sb01g049040), *PsaK*(ID: Sb02g002960), *PsbQ*(ID: Sb02g035610), *PsaO* (ID: Sb06g016090) *LHCB3*(ID: Sb02g036380), dois genes *PsbX* (IDs: Sb03g004730 e

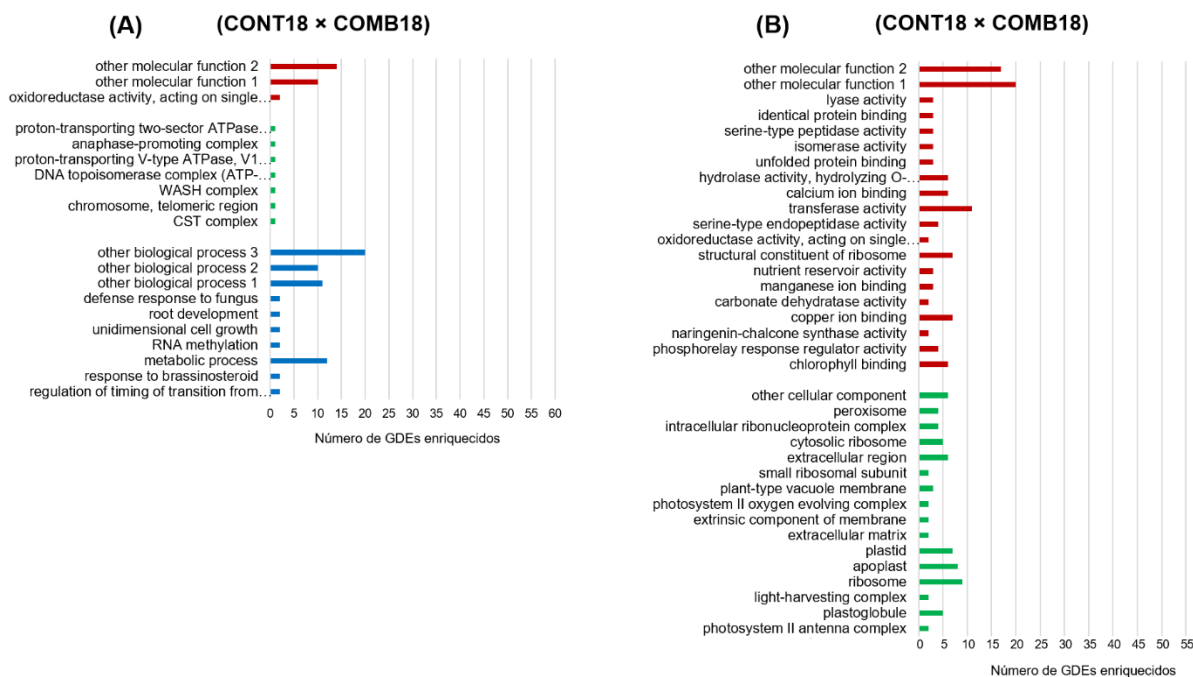
Sb02g042680), *PsbB*(ID: Sb03g017600), *LHCB1*(ID: Sb03g027030), *LHCB5*(ID: Sb05g007070) e *LHCB6*(ID: Sb06g032690), *APO1*(ID: Sb06g028490) e *PsaN*(ID: Sb08g005300), *FED A* (Sb07g000620) e *RBCS1A* (ID: Sb05g003480)] (**Figura 34B e Tabelas 8 e S2**).

Ainda no genótipo CSF18, quando os GDEs modulados pela salinidade foram confrontados com os do estresse combinado (SAL18 × COMB18), as plantas submetidas a exposição simultânea dos estresses abióticos mostraram maior expressão de genes envolvidos com diversos processos metabólicos (11 genes) (**Figura 35A**).

Já na comparação TE18 × COMB18, os genes envolvidos nas respostas ao estresse oxidativo [*CAT1* (ID: Sb04g001130) e *CAT2*(ID: Sb01g048280), *PER17*(ID: Sb02g027330), 3 genes *PER*(IDs: Sb05g001000, Sb09g004650 e Sb09g004650.1), *IFR*(ID: Sb03g008760), *P5CS2*(ID: Sb03g039820), *PMSR2*(ID: Sb06g020380) e *TRX-M4* (ID: Sb06g023440)], processo de óxido – redução (62 genes), respostas à hormônios vegetais [2 genes *AOS*(IDs: Sb01g042270 e Sb01g007000), *LOX1*(ID: Sb03g042440), dois genes *LOX5*(IDs: Sb01g011050 e Sb06g031350), *OPR3*(ID: Sb07g022500), *ILL6*(ID: Sb10g028140), *CYP79B2*(ID: Sb10g022470), *GA2OX1* (ID: Sb03g041900) e *GA2OX2* (ID: Sb09g025470), dentre outros], respostas à salinidade [*P5CS2*(ID: Sb03g039820), *OPR3*(ID: Sb07g022500), *ProteinHVA22-like isoform X1* (ID: Sb07g022730) e *RCI2A* (ID: Sb09g003060)] e a outros processos metabólicos (44 genes) foram mais expressos nas plantas do tratamento de estresse combinado, em relação àquelas dos tratamentos de temperatura elevada (**Figura 36A; Tabelas 8 e S2**). Além disso, o gene *HSP23.6-MITO* (ID: Sb10g007590) foi regulado positivamente no estresse combinado nas comparações CONT18 × COMB18, TE18 × COMB18 e COMB20 × COMB18, respectivamente (**Tabelas 8, S2 e S3**).

Figura 34. Continua....

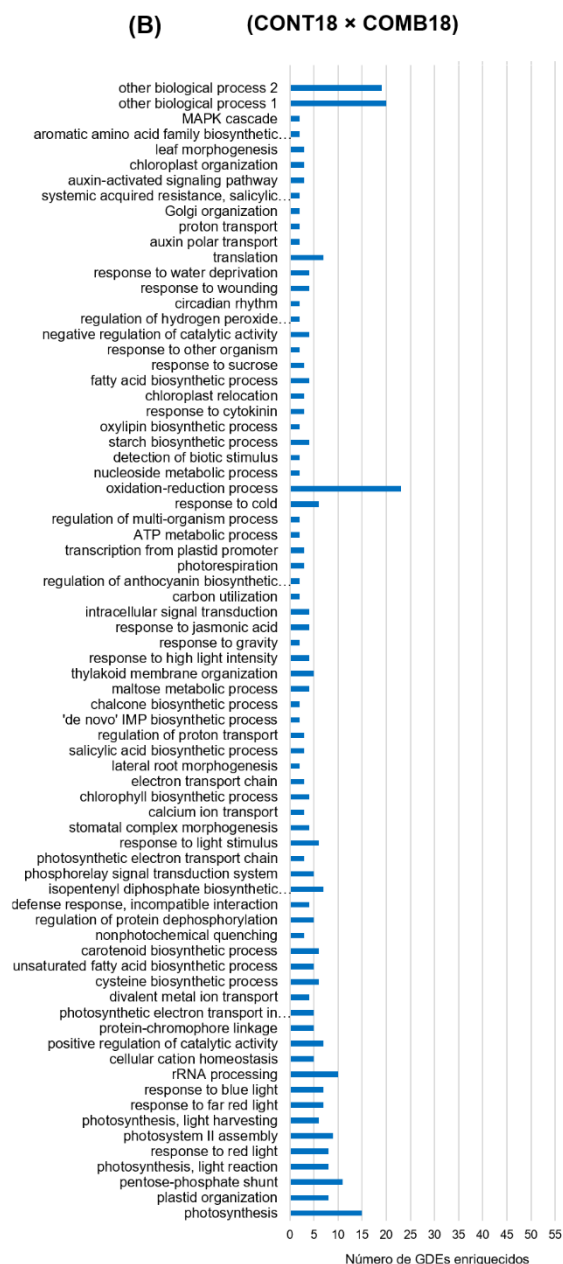
Categorias ontológicas – CSF18



Fonte: elaborado pelo autor.

Figura 34. Classificação dos genes diferencialmente expressos (GDEs) em categorias ontológicas (GO). O montante de GDEs regulados positivamente **(A)** e negativamente **(B)** pelo estresse combinado no genótipo CSF18 (COMB18), em comparação ao controle (CONT18), é apresentado dentro dos termos processo biológico (azul), componente celular (verde) e função molecular (vermelho). O padrão de modulação foi estabelecido utilizando a expressão dos genes das plantas controle (CONT18) como referência.

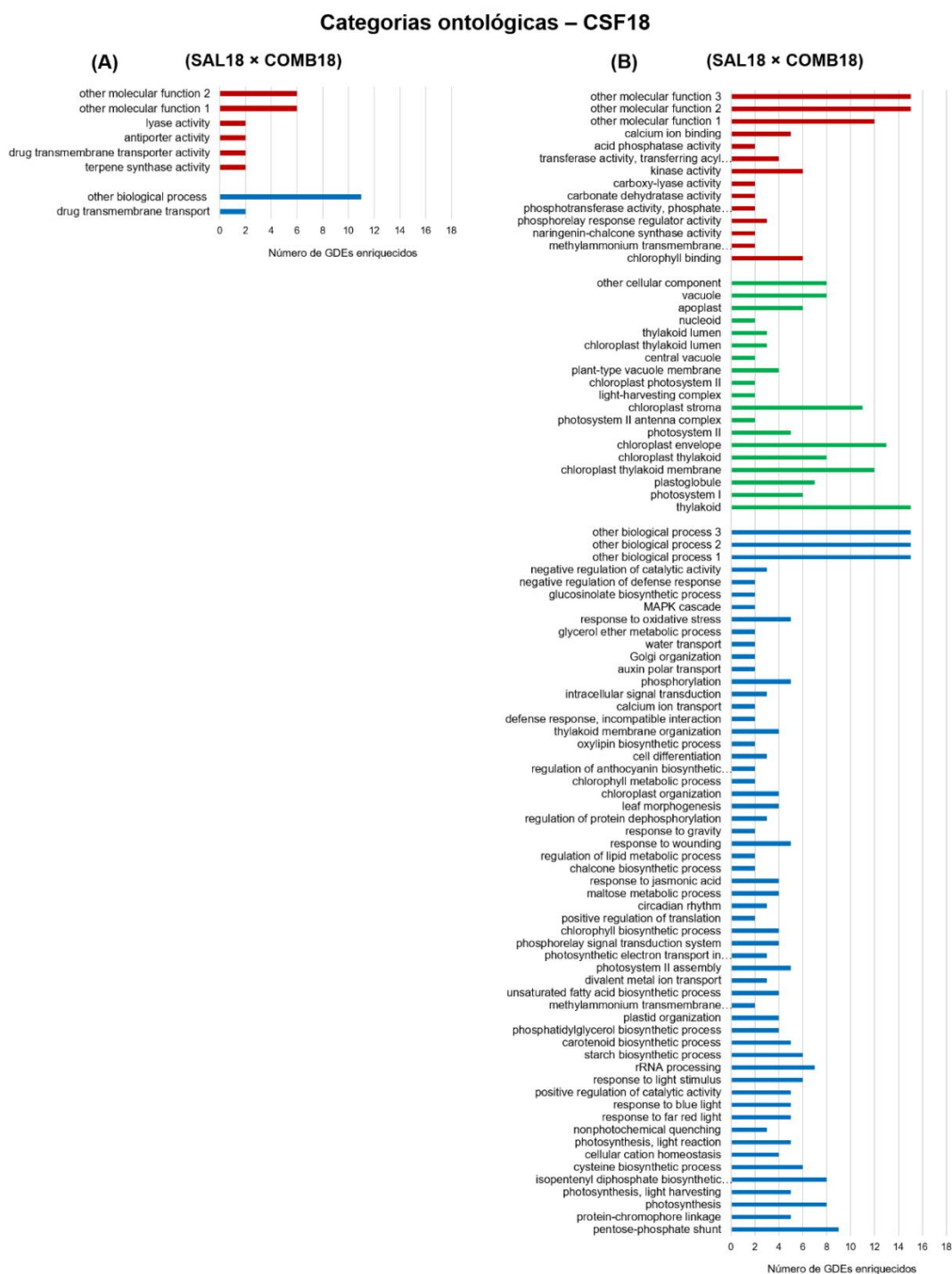
Categorias ontológicas – CSF18



Fonte: elaborado pelo autor.

Figura 35. Categorização ontológica (GO) dos genes diferencialmente expressos (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipo CSF18. Em (A), número/categorização de genes com maiores valores de expressão na condição de estresse combinado (COMB18), utilizando os níveis de expressão das plantas estressadas com NaCl (SAL18) como referência. Em (B), número/categorização de genes com maiores valores de expressão no estresse salino (SAL18), utilizando os níveis de expressão das plantas submetidas ao estresse combinado (COMB18) como referência. Em todos os casos, o montante de GDEs é apresentado dentro dos

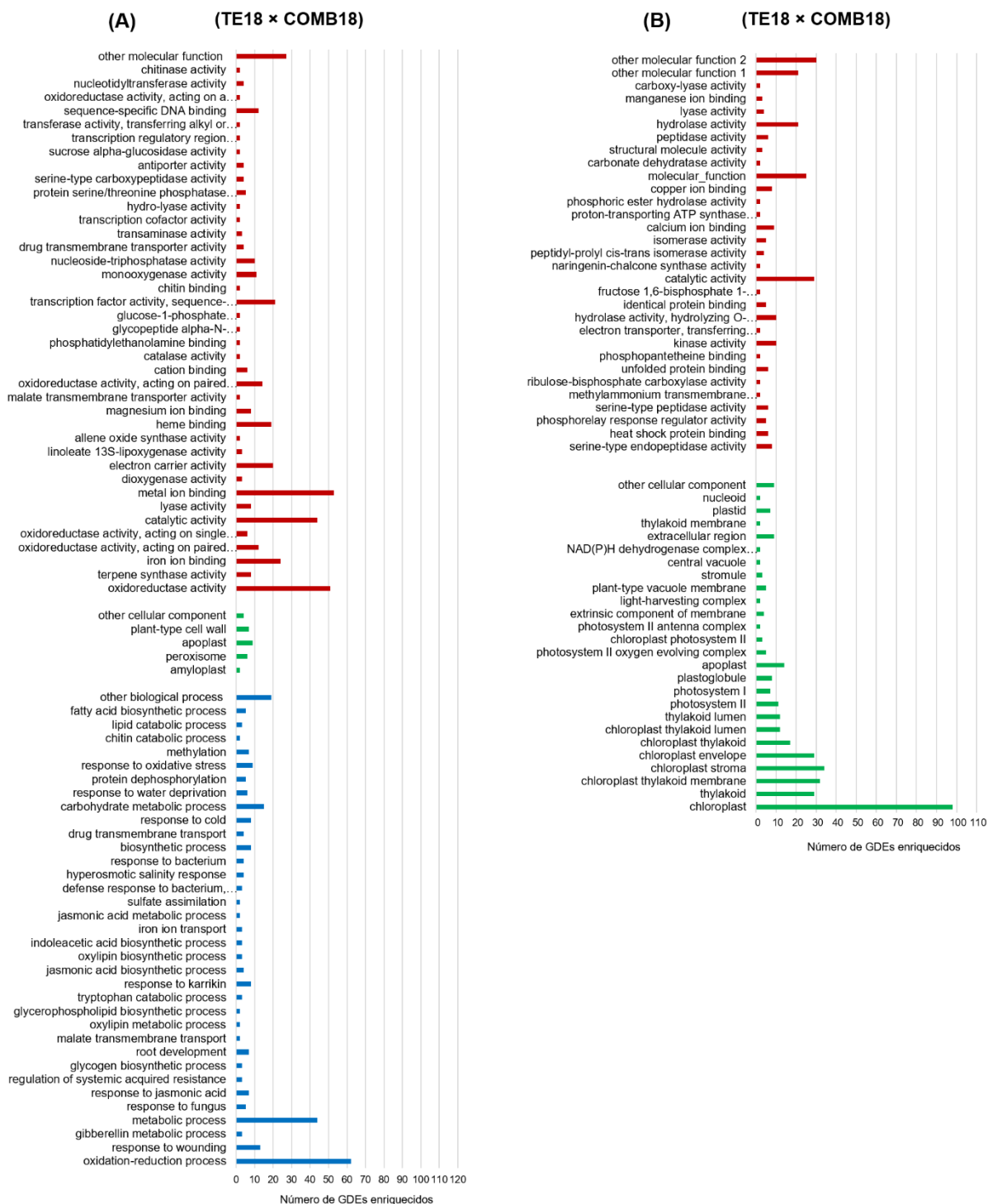
termos processo biológico (azul), componente celular (verde) e função molecular (vermelho).



Fonte: elaborado pelo autor.

Figura 36. Continua....

Categorias ontológicas – CSF18

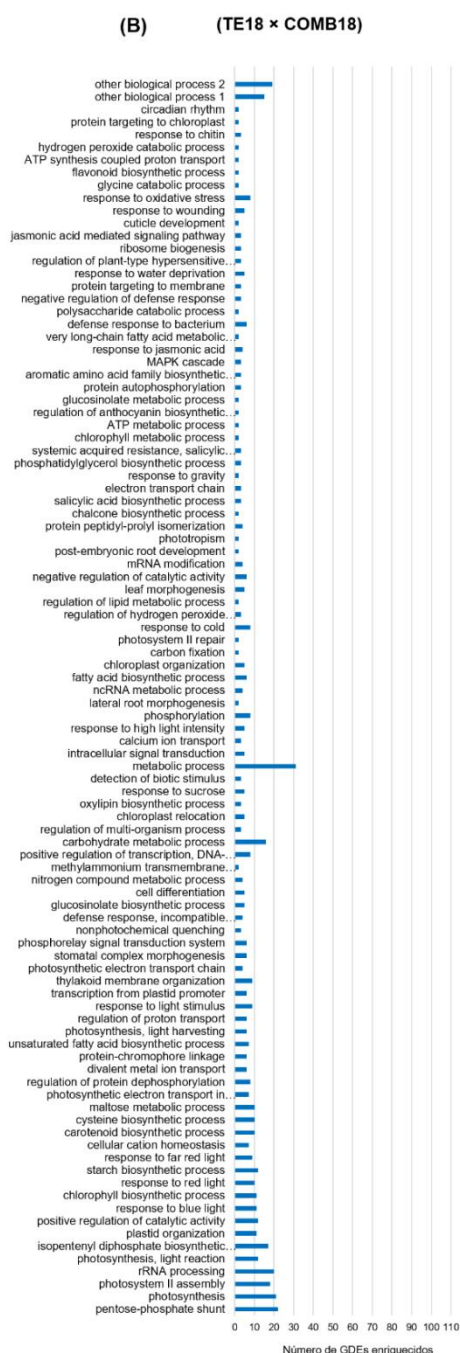


Fonte: elaborado pelo autor.

Figura 36. Categorização ontológica (GO) dos genes diferencialmente expressos (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipo CSF18. Em (A), número/categorização de genes com maiores valores de expressão na condição de estresse combinado (COMB18), utilizando os níveis de expressão de plantas

submetidas a temperatura elevada (TE18) como referência. Em **(B)**, número/categorização de genes com maiores valores de expressão em condições de temperatura elevada (TE18), utilizando os níveis de expressão das plantas submetidas ao estresse combinado (COMB18) como referência. Em todos os casos, o montante de GDEs é apresentado dentro dos termos processo biológico (azul), componente celular (verde) e função molecular (vermelho).

Categorias ontológicas – CSF18



Fonte: elaborado pelo autor.

Um resultado surpreendente foi observado no padrão molecular de resposta ao estresse combinado. Nessas condições, plantas do genótipo CSF20 ativaram

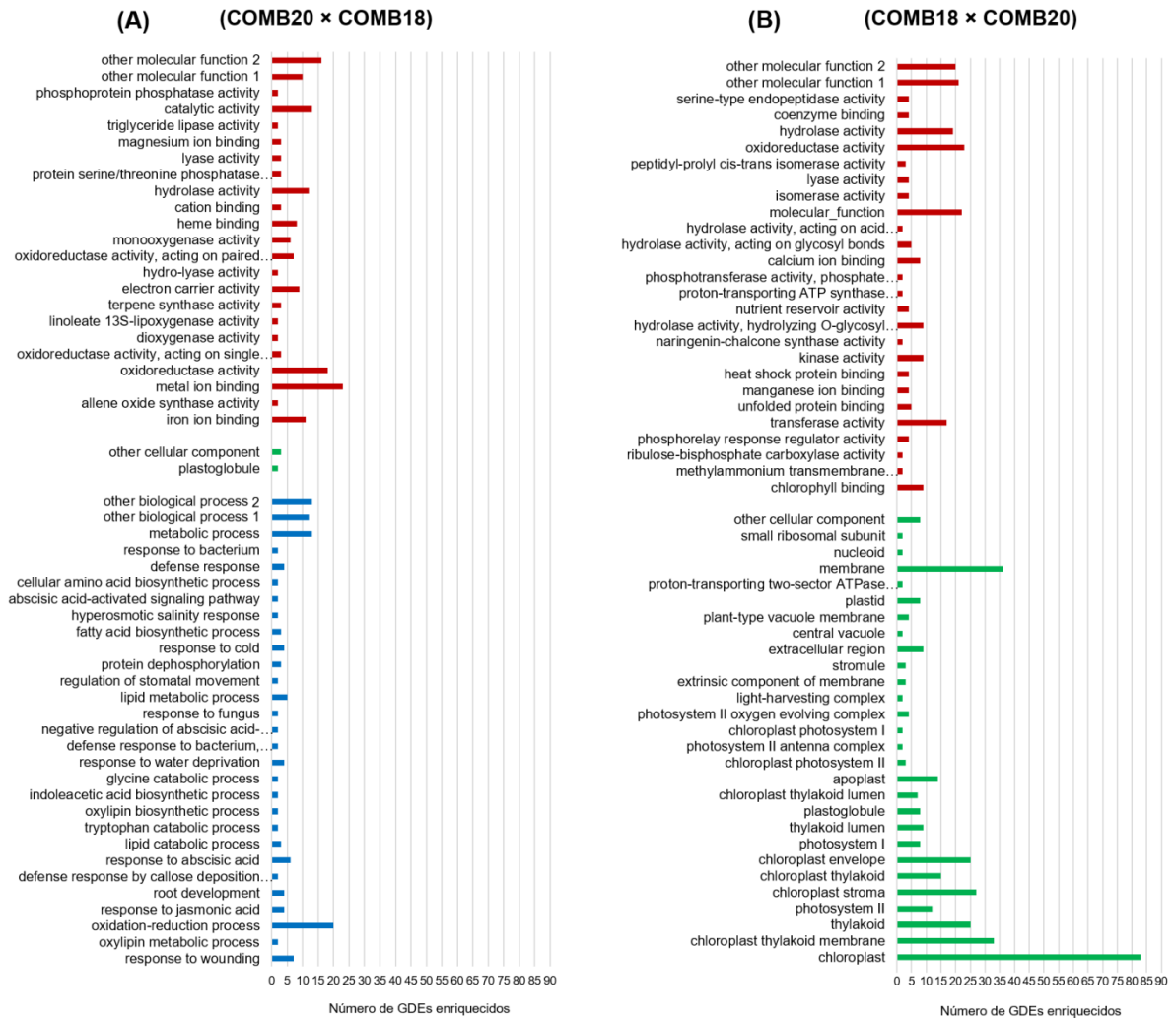
processos envolvidos principalmente na reestruturação/reparo do aparato fotossintético [(*PPL1* - *PsbP* – ID: Sb01g049040, *PsbQ* – IDs: Sb04g023940 e Sb02g035610, *PsbW* – ID: Sb03g036090, *Psb28* – ID: Sb03g045320, *PsaG* – ID: Sb02g027900, *PsaK* – ID: Sb02g002960, *PsaN* – ID: Sb08g005300, *PsaO* – ID: Sb06g016090, *LHCA4* e *5* – IDs: Sb07g021260 e Sb04g034130, 2 genes *LHCB1*(IDs: Sb03g027030 e Sb03g027040) e *LHCB3*, *5* e *6* - Sb02g036380, Sb05g007070 e Sb06g032690)], além disso, foi registrado maior expressão dos genes da ATP sintase (ID: Sb04g007200) e *FED A*(ID: Sb07g000620) (**Figuras 37Be 38; Tabelas 8 e S3**), do metabolismo da clorofila (*HEMA1* – ID: Sb06g030160, *HEMD* – ID: Sb01g044830 e *CHLH* – ID: Sb06g032740) (**Figuras 37Be 39; Tabelas 8 e S3**), da manutenção do metabolismo do carbono (*GLDC* - ID: Sb08g005210, *FBA* - ID: Sb05g004590, *PRK* – ID: Sb04g030950, *RUBISCO* – IDs: Sb03g020182 e Sb05g003480, *GOX* – ID: Sb02g039250, *PK* – ID: Sb01g012240, *PDK* – ID: Sb01g034390 e *MDH* – ID: Sb03g003230) (**Figuras 37Be 40; Tabelas 8 e S3**).

Ademais, genes relacionados ao metabolismo do amido e sacarose [*CWINV2* (ID:Sb04g021810) 2 genes *GH3* (IDs:Sb01g008030 e Sb01g008030.1), *PGM* (ID:Sb03g028080) e *DPE1* (ID:Sb02g040000)](**Figuras 37Be 41; Tabelas 8 e S3**) e biossíntese de aminoácidos [*FBA*(ID:Sb05g004590), *PK*(ID:Sb01g012240), *CSR1* (ID:Sb04g020680) e *P5CS1* (ID:Sb09g022310)](**Figuras 37Be 42; Tabelas 8 e S3**) também foram mais expressos em plantas do genótipo CSF20 sob estresse combinado.

Em contraste, nessas mesmas condições, plantas do genótipo CSF18 mostraram níveis mais elevados na expressão de genes das vias de resposta ao ABA [dois genes *PP2C*(IDs: Sb01g039890 e Sb02g022090), *P5CS2*(ID: Sb03g039820), *LOX1*(ID: Sb03g042440), *LOX5*(ID: Sb06g031350) e *RCI2A* (ID:Sb09g003060)] (**Figuras 37A; Tabelas 8 e S3**), além de processos de óxido-redução (20 genes). Ademais, as plantas CSF18 regularam principalmente as vias de sinalização da MAPK [*CHIB* (ID: Sb3219s002010), *RBOHD* (ID: Sb05g020380) e 2 genes *PP2C* (IDs: Sb02g022090 e Sb09g022410)] (**Figura 43; Tabelas 8 e S3**) e biossíntese de fenilpropanóides (*C4H* - ID: Sb03g038160, *CAD* - ID: Sb10g006270 e *PERs* - IDs:Sb02g027330 e Sb02g037840) (**Figura 44; Tabelas 8 e S3**).

Figura 37. Continua....

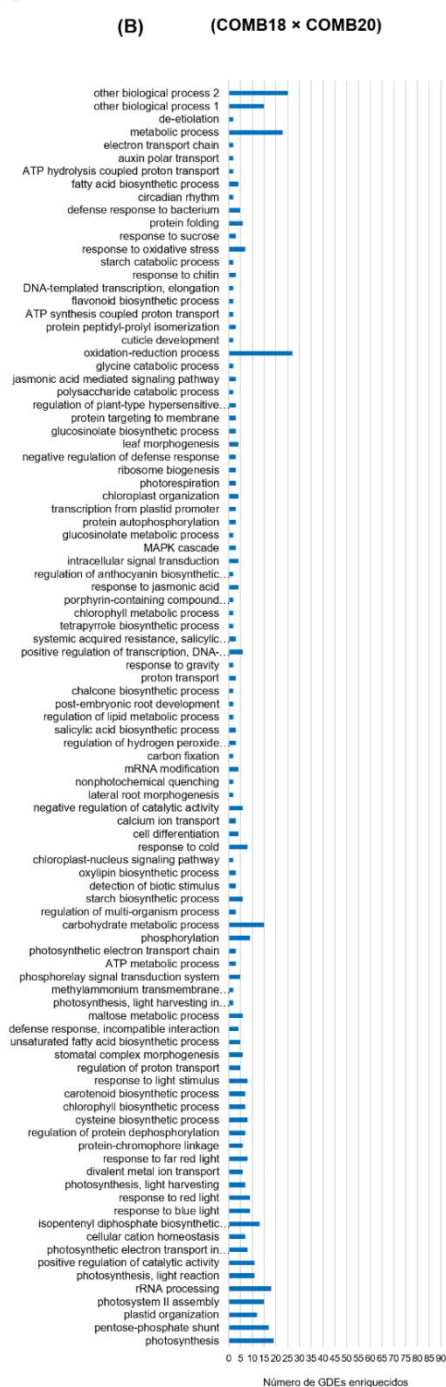
Categorias ontológicas – CSF20 × CSF18



Fonte: elaborado pelo autor.

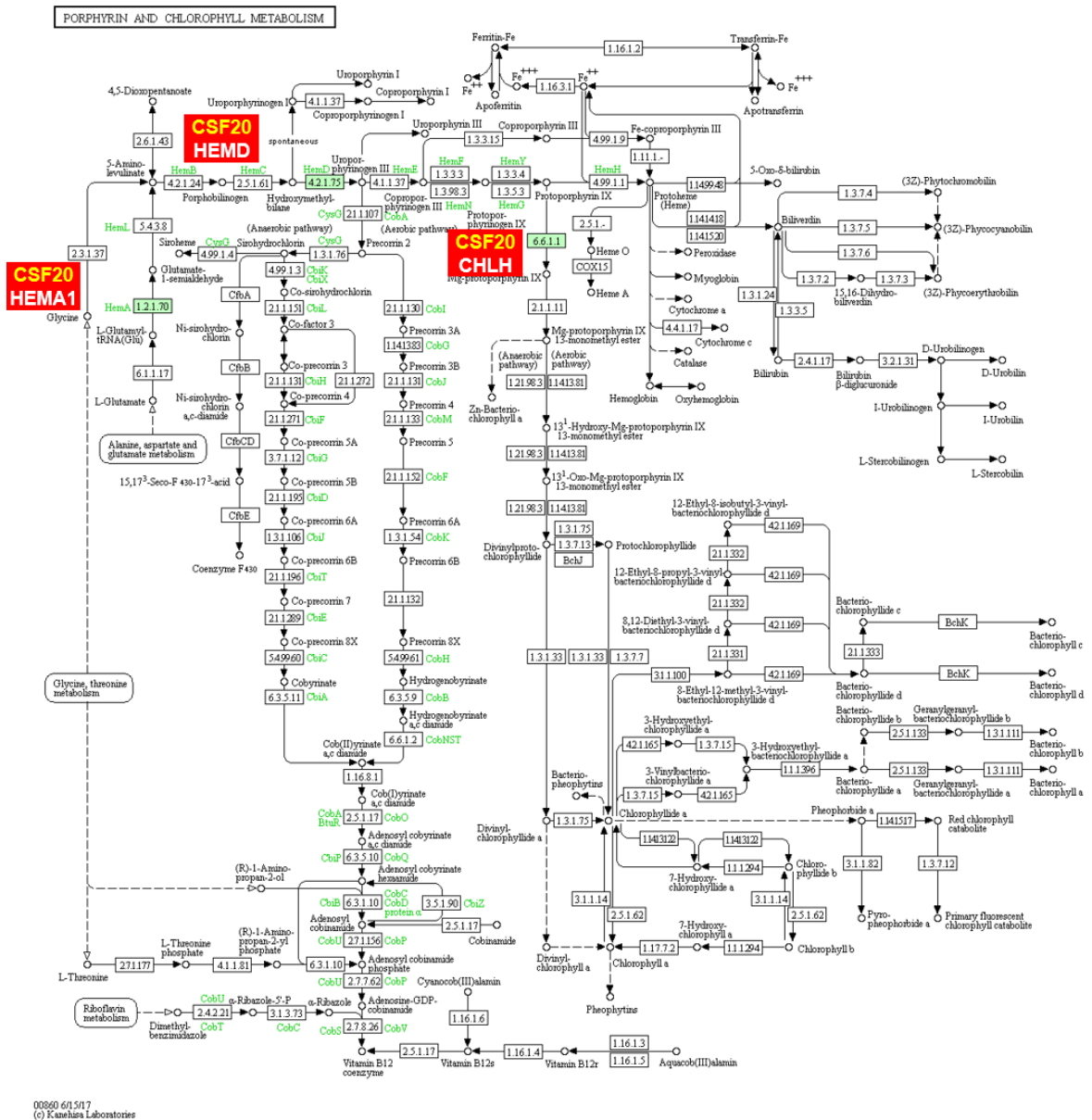
Figura 37. Categorização ontológica (GO) dos genes diferencialmente expressos (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipos CSF20 e CSF18, submetidos ao estresse combinado de salinidade e temperatura elevada (COMB). Em **(A)**, número/categorização de genes com maiores valores de expressão nos tecidos das plantas CSF18, utilizando os níveis de expressão do CSF20 como referência. Em **(B)**, número/categorização de genes com maiores valores de expressão nos tecidos das plantas CSF20, utilizando os níveis de expressão do CSF18 como referência. Em todos os casos, o montante de GDEs é apresentado dentro dos termos processo biológico (azul), componente celular (verde) e função molecular (vermelho).

Categorias ontológicas – CSF20 × CSF18



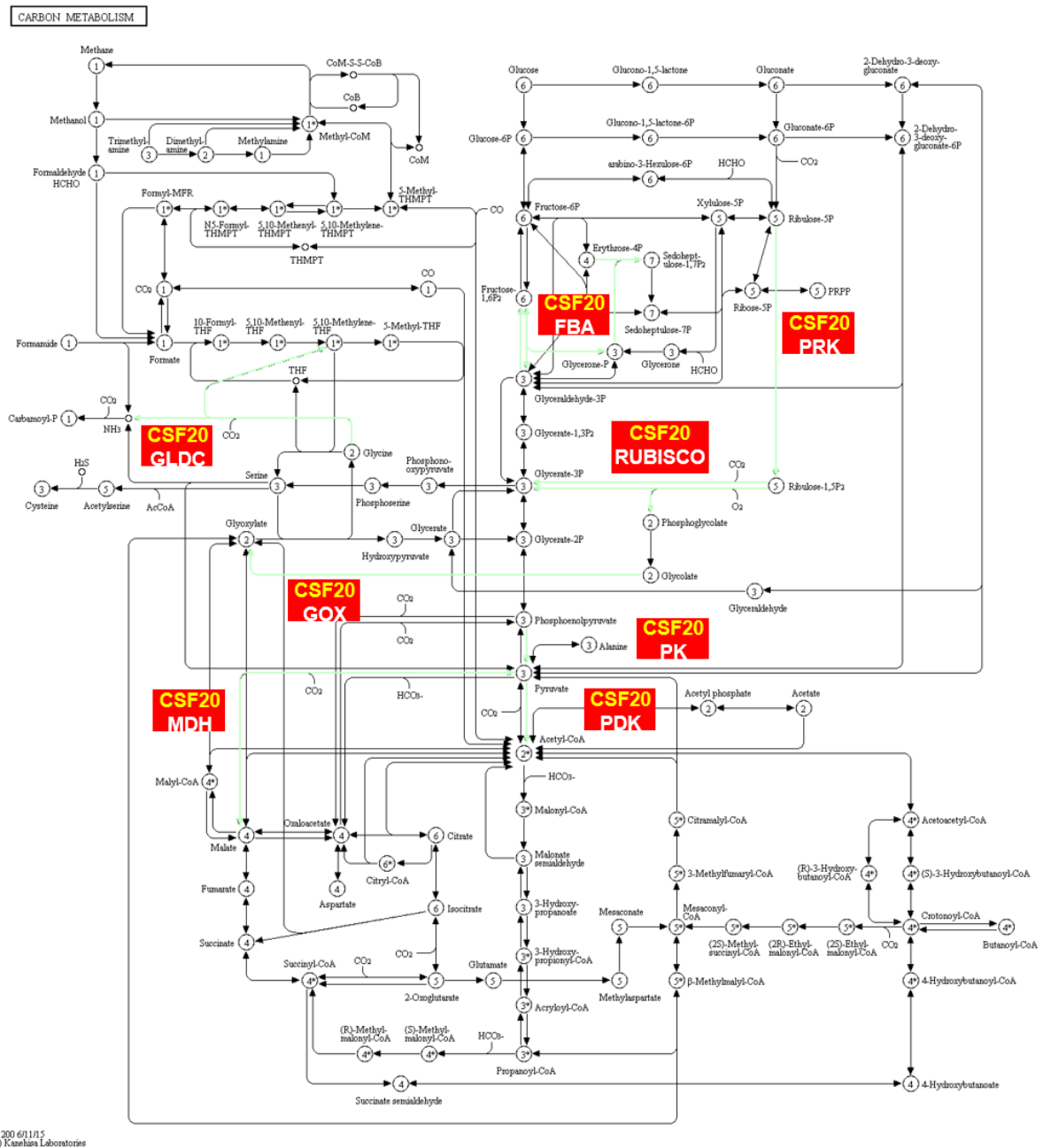
Fonte: elaborado pelo autor.

Figura 39. Genes das vias de metabolismo da clorofila expressos diferencialmente (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipo CSF20, em resposta aos estresses combinados de salinidade e temperatura elevada. Os GDEs modulados positivamente são destacados por caixas verdes. **Abreviaturas:** **HEMA1** - *Glutamyl-tRNA reductase*, **HEMD** - *Uroporphyrinogen-III synthase* e **CHLH** - *Magnesium-chelatase subunit, chloroplast*.



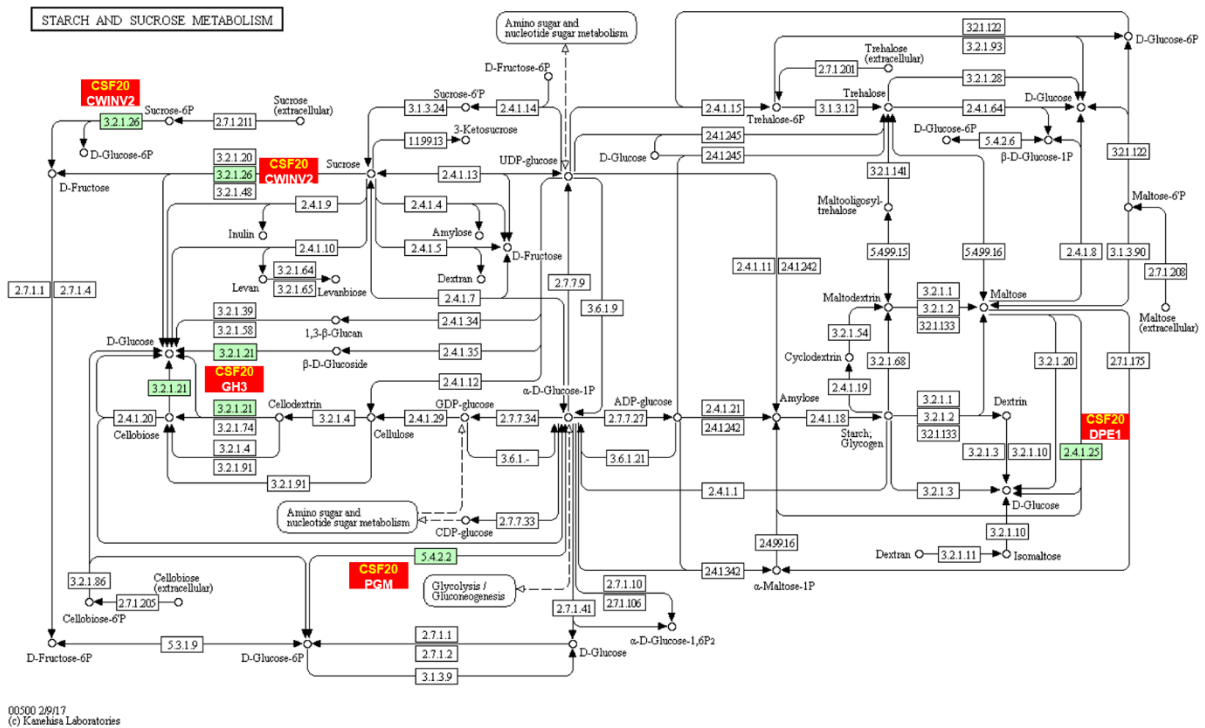
Fonte: elaborado pelo autor.

Figura 40. Genes das vias de metabolismo do carbono expressos diferencialmente (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipo CSF20, em resposta aos estresses combinados de salinidade e temperatura elevada. Os GDEs modulados positivamente são destacados por setas verdes. **Abreviaturas:** **PRK** - Phosphoribulokinase, **GOX** - Glycolate oxidase, **PK** - Pyruvate kinase, **PDK** - Pyruvate dehydrogenase kinase, **GLDC** - Glycine cleavage system H protein, **FBA** - Fructose-bisphosphate aldolase, **MDH** - Malate dehydrogenase e **RUBISCO**.



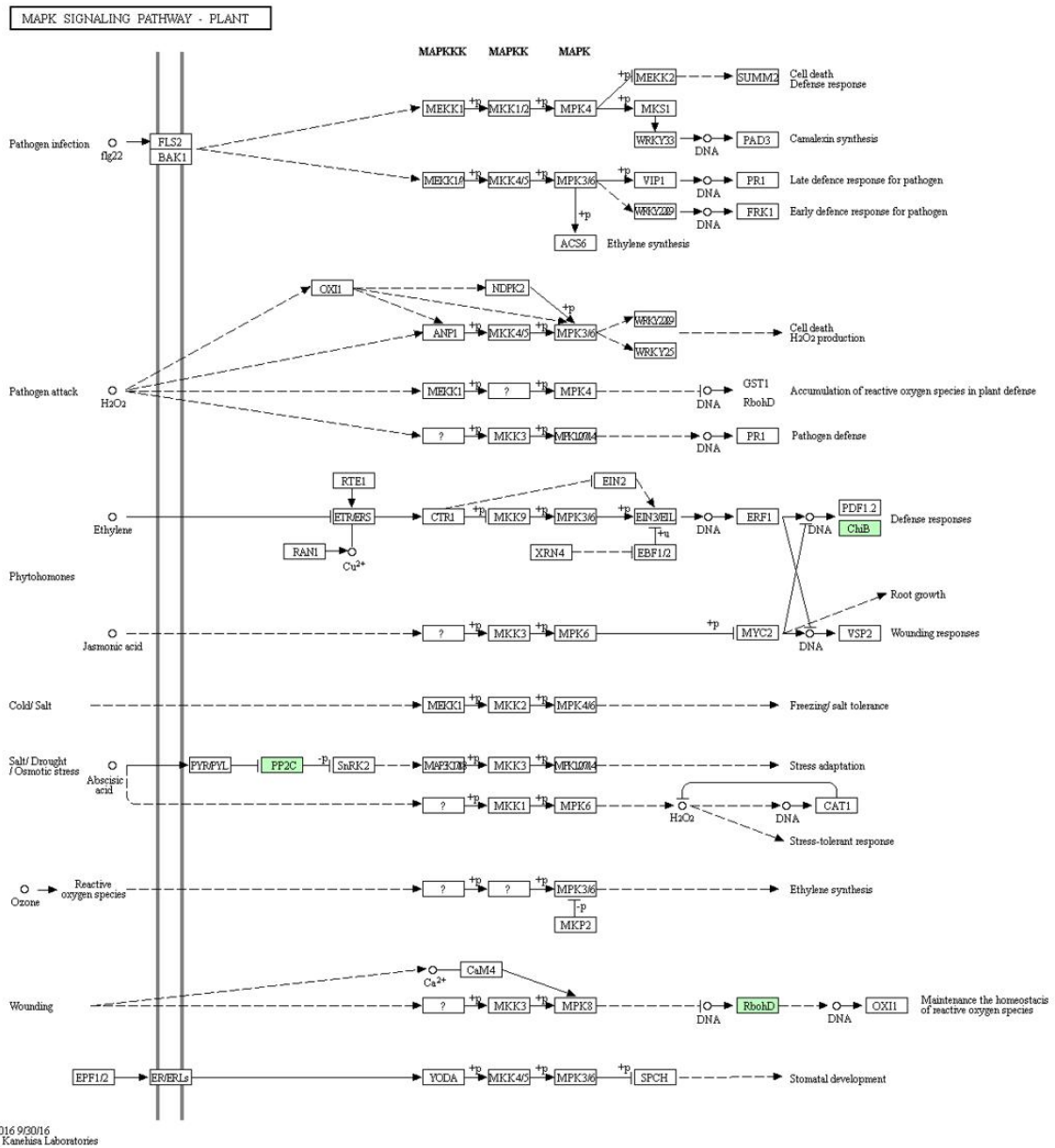
Fonte: elaborado pelo autor.

Figura 41. Genes das vias de metabolismo de amido e sacarose expressos diferencialmente (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipo CSF20, em resposta aos estresses combinados de salinidade e temperatura elevada. Os GDEs modulados positivamente para cada genótipo são destacados por caixas verdes. **Abreviaturas:** **CWINV2** - Cell wall invertase 2, **GH3** - Glycosyl hydrolase family 3 protein, **PGM** - Phosphoglucomutase e **DPE1** - Disproportionating enzyme; 4- α -glucanotransferase.



Fonte: elaborado pelo autor.

Figura 43. Genes das vias de sinalização da MAPK expressos diferencialmente (GDEs) nas folhas de plantas de sorgo, genótipo CSF18, em resposta aos estresses combinados de salinidade e temperatura elevada. Os GDEs modulados positivamente para cada genótipo são destacados por caixas verdes. **Abreviaturas:** **CHIB** - Basic chitinase, **RBOHD** Respiratory burst oxidase homologue D; **NAD(P)H oxidase** e **PP2C** - Protein phosphatase 2C.



Fonte: elaborado pelo autor.

Tabela 8. Genes diferencialmente expressos - GDEs (p -value < 0,05) em plantas de dois genótipos de sorgo (CSF20 e CSF18) submetidas ao estresse combinado de salinidade e temperatura elevada. Comparações CONT20 x COMB20, SAL20 x COMB20, TE20 x COMB20, CONT18 x COMB18, SAL18 x COMB18, TE18 x COMB18 e COMB20 x COMB18. Detalhes adicionais ver **tabela 6**.

Processo biológico	ID	Anotação	CONT20 x COMB20	SAL20 x COMB20	TE20 x COMB20	CONT18 x COMB18	SAL18 x COMB18	TE18 x COMB18	COMB20 x COMB18	
Respostas e vias de sinalização ao ABA	Sb01g038150	<i>Abscisic acid receptor (PYL4)</i>	-0,552						-0,948	
	Sb01g039890	<i>Protein phosphatase 2C (PP2C)</i>							2,452	
	Sb03g039630	<i>Protein phosphatase 2C (PP2C)</i>		0,670					0,547	
	Sb04g034190	<i>Abscisic acid responsive elements-binding factor 2 (ABF2)</i>	0,768							
	Sb03g042440	<i>Lipoxygenase 1 (LOX1)</i>							0,693	
	Sb06g031350	<i>Lipoxygenase 5 (LOX5)</i>							0,659	
	Sb03g039820	<i>Delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthase 2 (P5CS2)</i>	0,764		0,457			2,436	0,643	
	Sb10g026450	<i>Basic leucine zipper 9 (bZIP9)</i>							-1,188	
	Sb09g022410	<i>Protein phosphatase 2C (PP2C)</i>							0,583	
	Sb02g022090	<i>Protein phosphatase 2C (PP2C)</i>							1,443	
	Sb09g001660	<i>Mitogen-activated protein kinase phosphatase 1 (MPK1)</i>		-0,677						
	Sb07g022500	<i>OPDA-reductase 3 (OPR3)</i>							1,159	
	Sb07g022730	<i>Protein HVA22-like isoform X1</i>							Induzido	
	Sb09g003060	<i>Rare-cold-inducible 2A (RCI2A)</i>						0,404	2,652	
	Sb05g001050	<i>CBL-interacting protein kinase 2 (CIPK2 -SOS2)</i>			-0,833				0,814	
Homeostase iônica	Sb09g025420	<i>CBL-interacting protein kinase 12 (CIPK12 -SOS2)</i>		1,191						
	Sb02g024470	<i>Chlororespiratory reduction 23 (CRR23)</i>	-0,526						-0,697	
	Sb09g001120	<i>Heat shock protein DnaJ (HSP - DnaJ)</i>	-0,533							
	Sb10g019360	<i>Transmembrane transporter DELTA-TIP</i>	-0,511						-0,773	
	Sb07g028880	<i>NAD(P)H-quinone oxidoreductase subunit S, chloroplastic (NDHK)</i>							-0,584	
	Sb09g001120	<i>Chaperone protein DnaJ</i>							-0,564	
	Sb04g005010	<i>*High-affinity K⁺ transporter 1 (HKT1)</i>							0,8225	
	Metabolismo de lipídeos	Sb02g031090	<i>1-phosphatidylinositol phosphodiesterase-related (PLCA)</i>	0,595						
		Sb05g024380	<i>Phospholipase A 2A (PLA2A)</i>	1,196	0,592	0,317				

Metabolismo de carboidratos	Sb01g008030	Glycosyl hydrolase family 3 protein (GH3)	-0,867	-0,627	-1,825	-1,241	-3,231	
	Sb03g034100	Glycosyl hydrolase family 17 protein (GH17)	-1,094					
	Sb01g024390	Probable glucan 1,3-beta-glucosidase A (EXGA)	-0,777	-0,573	-0,873	-0,686	-2,277	
	Sb01g039980	Fructose-1,6-bisphosphatase (FDPase)	-0,545				-1,171	
	Sb02g027280.1	Isoamylase 3 (ISA3)	-0,960					
	Sb02g035600	Beta-amylase 5 (BAM5)	-0,513		-0,546		-1,408	
	Sb0010s007570	Glycosyl hydrolase family 3 protein (GH3)					-1,261	
	Sb04g027700	Glycosyl hydrolase family 3 protein (GH3)			-1,152		-2,329	
	Sb01g021920	Chitinase 2 precursor (CHT2)			-0,995	-0,875	-1,998	
	Sb03g028080	Phosphoglucomutase (PGM)					-1,302	
	Sb04g021810	Cell wall invertase 2 (CWINV2)			-0,601	-0,503	-1,609	
	Sb09g018730	Glucan endo-1,3-beta-glucosidase (BG)					-14,642	
	Resposta ao estresse oxidativo	Sb02g001135	Peroxidase (PER)	Reprimido				
Sb04g038610		Peroxidase 64 (PER64)	-0,806	-0,537				
Sb02g033120		Chloroplastic drought-induced stress protein of 32 KD (CDSP32)	-0,535				-1,186	
Sb02g034590		Aconitate hydratase, cytoplasmic (ACO)	-0,989					
Sb05g020230		Naringenin-chalcone synthase (CHS)	-0,569	-0,467	-0,745	-0,528	-1,710	-0,838
Sb05g020150		Naringenin-chalcone synthase (CHS)	-0,582		-0,805	-0,646	-1,956	-1,078
Sb06g030160		Glutamyl-tRNA reductase (HEMA1)	-0,561					-0,795
Sb01g002430		Calreticulin 1 (CRT1)	-1,192	-1,261	-1,180	1,247		1,193
Sb10g007590		Mitochondrion-localized small heat shock protein 23.6 (HSP23.6-MITO)				1,648	1,731	1,028
Sb02g001140		Peroxidase (PER)					-1,781	-1,139
Sb02g037840		Peroxidase (PER)					-1,293	
Sb04g002330		17.6 kDa class I small heat shock protein (HSP17.6C-CI)					-0,413	-1,155
Sb06g027520		Ascorbate peroxidase 4 (APX4)			-0,555		-1,402	0,617
Sb04g001130		Catalase 1 (CAT1)					1,340	
Sb01g048280		Catalase 2 (CAT2)					1,348	
Sb05g001000		Peroxidase (PER)						Induzido
Sb02g027330	Peroxidase 17 (PER17)					1,577	0,612	

	Sb09g004650	<i>Peroxidase (PER)</i>						1,411		
	Sb03g008760	<i>Isoflavone reductase (IFR)</i>						1,900		
	Sb03g039820	<i>Delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthase 2 (P5CS2)</i>	0,764		0,457			2,436	0,643	
	Sb06g020380	<i>Peptidemethionine sulfoxide reductase 2 (PMSR2)</i>						4,284	0,552	
	Sb06g023440	<i>THIOREDOXIN M-TYPE 4 (TRX-M4)</i>						1,345		
	Sb09g004650.1	<i>Peroxidase (PER)</i>						1,422		
	Sb07g022250	<i>Respiratory burst oxidase protein E /NADPH oxidase (RBOHE)</i>							1,007	
	Sb05g020380	<i>Respiratory burst oxidase protein D /NADPH oxidase (RBOHD)</i>							2,923	
	Sb01g017330	<i>Auxin-responsive family protein</i>		0,711						
	Sb03g003200	<i>Phytochrome-associated protein 1 (PAP1)</i>		0,548			0,323	1,854		
	Sb05g001690	<i>MINI ZINC FINGER 1; DNA binding (MIF1)</i>							Induzido	
	Sb10g029050	<i>Auxin-responsive protein, putative / small auxin Induzido RNA (SAUR_D)</i>							Induzido	
	Sb03g044960	<i>FPF1-like protein 1 (FLP1)</i>	1,421		1,368					
	Sb01g022440	<i>KIDARI; transcription regulator (KDR)</i>			2,351				Induzido	
	Sb08g001830	<i>Mini zinc finger 2; DNA binding (MIF2)</i>							Induzido	
	Sb03g042440	<i>Lipoxygenase 1 (LOX1)</i>	1,069		0,562	0,396	0,512	5,331	0,693	
	Sb01g011050	<i>Lipoxygenase 5 (LOX5)</i>	1,043		0,620			4,200		
	Sb03g039630	<i>Protein phosphatase 2C (PP2C)</i>			0,670				0,547	
Fitohormônios	Sb08g023150	<i>AAA-ATPase 1 (AATP1)</i>			0,654					
	Sb01g019630	<i>Peptide transporter 3 (PTR3)</i>			0,586					
	Sb01g042270	<i>Allene oxide synthase (AOS)</i>	1,163		0,489			4,090		
	Sb01g007000	<i>Allene oxide synthase (AOS)</i>						1,682		
	Sb06g031350	<i>Lipoxygenase 5 (LOX5)</i>						1,313	0,659	
	Sb07g022500	<i>Opda-reductase 3 (OPR3)</i>						1,159		
	Sb10g028140	<i>IAA-amino acid conjugate hydrolase (ILL6)</i>						1,458		
	Sb10g022470	<i>Cytocrome P450 79B2 (CYP79B2)</i>						4,372		
	Sb03g041900	<i>Gibberellin 20-oxidase GA20OX1</i>						3,877	0,933	
	Sb09g025470	<i>Gibberellin 2-oxidase (GA2OX2)</i>						3,221		
	Sb08g020580	<i>Transcription 161efic IAA16</i>					-0,660	-0,512	-1,686	-0,812
	Sb01g014130	<i>Transcription 161efic IAA16</i>					-0,681		-1,600	
	Sb03g030740	<i>Auxin-responsive factor AUX/IAA-like protein</i>					-0,762			

	Sb03g026020	<i>Lutein 162eficiente 2 (LUT2)</i>			-0,535		
	Sb07g019320	<i>Cyclophilin 38 (CYP38)</i>			-0,569		-1,496
	Sb08g001890	<i>Zeaxanthin epoxidase isoform (ZEP)</i>			-0,557		1,172
	Sb01g039890	<i>Protein phosphatase 2C (PP2C)</i>					4,114
	Sb03g039820	<i>Delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthase 2 (P5CS2)</i>	0,764		0,457		2,436 0,643
	Sb09g003060	<i>(Rare-cold-inducible 2A) RCI2A</i>				0,404	2,652 0,814
	Sb09g005430	<i>Auxin resistant 3 (AXR3)</i>					2,111
	Sb01g049040	<i>PPL1 – PsbP-like protein 1</i>			-0,440	-0,440	-1,433 -0,850
	Sb08g005500	<i>Chloroplast RNA binding (CRB)</i>			-0,654	-0,515	-1,474 -0,750
	Sb05g020150	<i>Naringenin-chalcone synthase (CHS)</i>			-0,805	-0,646	-1,956
	Sb02g028770	<i>POM-POM1; chitinase (POM1)</i>					0,291
	Sb05g020380	<i>Respiratory burst oxidase homologue D); NAD(P)H oxidase (RBOHD)</i>					0,320
Resposta ao calor	Sb09g003430	<i>Probable ATP-dependent DNA helicase (CHR12)</i>					0,438
	Sb09g030600	<i>Protein serine/threonine phosphatase (HAB2)</i>	0,861				0,718
	Sb03g039820	<i>Delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthase (P5CS2)</i>	0,764		0,457		2,436 0,643
Resposta à salinidade	Sb07g022500	<i>(Opda-reductase 3 (OPR3)</i>					1,159
	Sb07g022730	<i>Protein HVA22-like isoform X1</i>					Induzido
	Sb09g003060	<i>Rare-cold-inducible 2A (RCI2A)</i>				0,404	2,652 0,814
	Sb02g028770	<i>POM-POM1; chitinase (POM1)</i>					0,291
	Sb09g003430	<i>Probable ATP-dependent DNA helicase (CHR12)</i>					0,438
Resposta ao estresse hídrico	Sb09g030600	<i>Protein serine/threonine phosphatase (HAB2)</i>	0,861				0,718
	Sb01g001660	<i>Late embryogenesis abundant family protein (LEA)</i>					0,378
	Sb03g039820	<i>Delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthase 2 (P5CS2)</i>	0,764		0,457		2,436 0,643
	Sb01g005910	<i>Tetratricopeptide repeat (TPR)-like (TPR)</i>					0,759
	Sb01g035510	<i>Aba hypersensitive 1 (ABH1)</i>					0,339
Transição da fase vegetativa para a reprodutiva	Sb03g036240	<i>Vps51/Vps67 family protein</i>					0,568
	Sb07g001250	<i>Agamous-like 12 (AGL12); transcription factor</i>	0,818		0,976		0,770
	Sb10g028100	<i>DNA-directed DNA polymerase (REV1)</i>					1,154
Senescência	Sb07g020070	<i>Senescence-associated protein-related</i>	0,693				0,361 -1,020

	Sb01g045030	<i>Senescence-associated protein-related</i>	1,122				
	Sb01g038030	<i>Senescence associated gene 20 (SAG20)</i>	0,892				-0,978
	Sb05g026090	<i>Senescence-associated family protein</i>					-1,230
Fotossíntese	Sb02g036380	<i>Light-harvesting chlorophyll B-binding protein 3 (LHCB3)</i>	-0,593	-0,920	-0,567	-1,945	-1,029
	Sb03g026020	<i>Lutein deficient 2 (LUT2)</i>		-0,535			
	Sb03g027030	<i>Light-harvesting chlorophyll B-binding protein 1 (LHCB1)</i>	-0,324	-1,629	-1,208	-3,099	-2,025
	Sb05g003480	<i>Ribulose biphosphate carboxylase small chain 1A (RBCS1A)</i>		-0,698			-1,843
	Sb05g027870	<i>Rubisco activase (RCA)</i>					-0,714
	Sb03g020182	<i>Ribulose biphosphate carboxylase large chain (RBCL)</i>					-0,772
		Sb03g042440	<i>Lipoxygenase 1 (LOX1)</i>		0,512		5,331
Biossíntese de ácidos graxos	Sb01g011050	<i>Lipoxygenase 5 (LOX5)</i>				4,200	
	Sb06g031350	<i>Lipoxygenase 5 (LOX5)</i>				1,313	0,659
	Sb03g021040	<i>Sterol-4alpha-methyl oxidase 1-1 (SMO1-1)</i>				3,232	
	Sb06g012520	<i>Acyl-[acyl-carrier-protein] desaturase/ stearoyl-CoA 9-desaturase (SSI2)</i>				1,297	
	Sb01g011070	<i>GCN5-related N-acetyltransferase (GNAT)</i>		-0,544			
	Sb08g023120	<i>Lipoxygenase (LOX5)</i>		-0,644		-1,158	
	Sb06g018930	<i>Protease Do-like 8 chloroplast (DEGP8)</i>			-0,372	-1,149	
Organização das membranas dos tilacóides e cloroplastos	Sb07g019320	<i>Cyclophilin 38 (CYP38)</i>		-0,569		-1,496	
	Sb08g005500	<i>Chloroplast RNA binding (CRB)</i>		-0,654	-0,515	-1,474	-0,750
	Sb04g028930	<i>SAMC1 (S-adenosylmethionine carrier 1 (SAMC1))</i>		-1,135	-0,507	-2,021	
	Sb06g020740	<i>Protein STAY-GREEN LIKE</i>				-1,448	
	Sb01g002740	<i>4-alpha-hydroxytetrahydrobiopterin dehydratase (DCOH)</i>		-0,670			
	Sb02g032820	<i>Tetratricopeptide repeat (TPR)-containing protein (TPR)</i>		-0,593	-0,333	-1,081	
	Sb06g028490	<i>Accumulation of photosystem one 1 (APO1)</i>		2,937	-1,007		
	Sb10g029300	<i>Chloroplast thylakoid lumen protein (CTLP)</i>		-0,494			
	Metabolismo da	Sb08g005500	<i>Chloroplast rna binding (CRB)</i>		-0,654	-0,515	-1,474

clorofila	Sb06g030160	<i>Glutamyl-tRNA reductase (HEMA1)</i>				-0,643	-0,452	-1,614	-0,795
	Sb10g029300	<i>Chloroplast thylakoid lumen protein (CTLP)</i>				-0,494			
	Sb01g044830	<i>Uroporphyrinogen-III synthase (HEMD)</i>							-0,876
	Sb06g032740	<i>Magnesium-chelatase subunit chlH, chloroplast (CHLH)</i>							-0,599
	Sb07g019320	<i>Cyclophilin 38 (CYP38)</i>				-0,569		-1,496	
	Sb01g049040	<i>PPL1 - PsbP-like protein 1</i>				-0,440	-0,440	-1,433	-0,850
	Sb02g036380	<i>Light-harvesting chlorophyll B-binding protein 3 (LHCB3)</i>				-0,920	-0,567	-1,945	-1,029
	Sb03g017600	<i>Photosystem II CP47 reaction center protein (PsbB)</i>				-0,608		-1,593	
	Sb03g027030	<i>Light-harvesting chlorophyll B-binding protein 1 (LHCB1)</i>	-0,750	-0,507	-0,262	-1,629	-1,208	-3,099	-2,025
	Sb03g027040	<i>Light-harvesting chlorophyll B-binding protein 1 (LHCB1)</i>					-0,548	-1,664	-0,755
	Sb04g023940	<i>Oxygen evolving enhancer 3 (PsbQ) family protein</i>						-1,223	-0,601
	Sb06g032690	<i>Light-harvesting chlorophyll B-binding protein 6 (LHCB6)</i>				-0,586	-0,449	-1,563	-0,797
	Sb04g007200	<i>ATP synthase epsilon chain, chloroplastic;</i>						-1,844	-0,862
	Sb07g000620	<i>FED A; 2 2Fe-2S ferredoxin-like</i>				-0,625		-1,639	-0,837
	Sb06g016090	<i>Photosystem I subunit O (PsaO)</i>				-0,727	-0,457	-1,721	-0,906
	Sb02g002960	<i>Photosystem I subunit K (PsaK)</i>				-0,729	-0,533	-1,791	-0,945
	Sb02g035610	<i>Oxygen-evolving enhancer protein 3, chloroplast, putative (PsbQ)</i>				-0,643		-1,568	-0,861
	Sb08g005300	<i>Photosystem I subunit N (PsaN)</i>				-0,566		-1,452	-0,714
	Sb03g004730	<i>Photosystem II subunit X (PsbX)</i>				-0,571		-1,464	
	Sb02g042680	<i>Photosystem II subunit X (PsbX)</i>				-0,556			
Sb05g007070	<i>Light-harvesting chlorophyll B-binding protein 5 (LHCB5)</i>				-0,775	-0,528	-1,751	-0,930	
Sb06g028490.2	<i>Accumulation of photosystem one 1 (APO1)</i>				-1,634				
Sb03g036090	<i>Photosystem II reaction center W (PsbW)</i>							-0,705	
Sb03g045320	<i>Photosystem II reaction center Psb28 protein (Psb28)</i>							-0,588	
Sb02g027900	<i>Photosystem I subunit G (PsaG)</i>							-0,746	
Sb07g021260	<i>Light-harvesting chlorophyll-protein complex I subunit A4</i>							-0,783	

**Fotossíntese:
Reestruturação/reparo
dos PSI e II**

		(LHCA4)				
	Sb04g034130	Light-harvesting chlorophyll-protein complex I subunit A5				-0,663
		(LHCA5)				
Fotorrespiração	Sb08g005500	Chloroplast RNA binding (CRB)	-0,654	-0,515		-0,750
	Sb09g000560	Phosphoribulokinase (PRK)			-1,075	
	Sb07g019320	Cyclophilin 38 (CYP38)	-0,569		-1,496	
Sinalização da MAPK	Sb08g005500	Chloroplast RNA binding (CRB)	-0,654	-0,515	-1,474	-0,750
	Sb01g039890	Protein phosphatase 2C (PP2C)				2,452
	Sb03g039630	Protein phosphatase 2C (PP2C)				0,547
	Sb02g022090	Protein phosphatase 2C (PP2C)				1,443
	Sb09g022410	Protein phosphatase 2C (PP2C)				0,583
	Sb3219s002010	Basic chitinase (CHIB)				0,594
	Sb05g020380	Respiratory burst oxidase homologue D; NAD(P)H oxidase (RBOHD)				2,923
	Sb03g033190	Map kinase kinase 6 (MKK6)				1,450
	Sb10g003310	Map kinase kinase 2 (MKK2)				
	Sb03g028740	Mitogen-activated protein kinase phosphatase 20 (MPK20)				0,876
Metilação	Sb02g003810	S-adenosylmethionine-dependent methyltransferase (NAMT1)				2,145
	Sb03g031950	Phosphoethanolamine N-methyltransferase 3 (NMT3)				1,712
	Sb07g004690	O-methyltransferase 1 (OMT1)				
	Sb09g025540	O-methyltransferase 2 (OMT2)				2,266
	Sb09g025570	O-methyltransferase 2 (OMT2)				3,060
	Sb09g000290	Jasmonic acid carboxyl methyltransferase (JMT)				2,360
	Sb10g008730	Jasmonic acid carboxyl methyltransferase (JMT)				3,616
CTE	Sb03g017600	Photosystem II CP47 reaction center protein (PsbB)	-0,608			-1,593
	Sb06g017800	Ferric reduction oxidase 7 (FRO7)	-0,543			-1,207
	Sb07g000620	2Fe-2S ferredoxin-like (FED A;2)	-0,625			-1,639
Dissipação não fotoquímica	Sb06g012950	Non-photochemical quenching 1; violaxanthin de-epoxidase (NPQ1)		-0,344		1,142
	Sb08g001890	Zeaxanthin epoxidase isoform (ZEP)	-0,557			1,172
Controle do componente osmótico	Sb01g042380	Alpha, alpha-trehalose-phosphate synthase 6 (TPS6)				1,066
	Sb03g039820	Delta 1-pyrroline-5-carboxylate	0,764		0,457	2,436
						0,643

		<i>synthase 2 (P5CS2)</i>	
Sinalização	Sb10g004465	<i>E3 SUMO-protein ligase</i>	Induzido
	Sb05g004590	<i>Fructose-bisphosphate aldolase (FBA)</i>	-0,609
Biossíntese de aminoácidos	Sb01g012240	<i>Pyruvate kinase (PK)</i>	-0,896
	Sb04g020680	<i>Chlorsulfuron/imidazolinone resistant 1; acetolactate synthase (CSR1)</i>	-0,627
	Sb09g022310	<i>Delta1-pyrroline-5-carboxylate synthase 1 (P5CS1)</i>	-0,700
Metabolismo do amido e sacarose	Sb04g021810	<i>Cell wall invertase 2 (CWINV2)</i>	-0,793
	Sb01g008030	<i>Glycosyl hydrolase family 3 protein (GH3)</i>	-1,366
	Sb01g008030.1	<i>Glycosyl hydrolase family 3 protein (GH3)</i>	-2,036
	Sb03g028080	<i>Phosphoglucomutase (PGM)</i>	-0,672
	Sb02g040000	<i>Disproportionating enzyme (DPE1)</i>	-0,757
Processos biossintéticos em geral	Sb02g003520	<i>Aminotransferase-related (AR)</i>	0,747
	Sb02g003530	<i>Nicotianamine aminotransferase A (NAT – A)</i>	0,582
	Sb02g032370	<i>Phytoene synthase (PSY)</i>	1,164
Fatores de transcrição	Sb04g005520	<i>Transcription factor (WRKY60)</i>	2,130
	Sb03g028290	<i>Transcription factor (WRKY19)</i>	2,437
	Sb03g028530	<i>Transcription factor (WRKY71)</i>	1,238
	Sb03g033640	<i>Transcription factor (WRKY14)</i>	1,702
	Sb08g019720	<i>Transcription factor MYB DNA</i>	-0,745
	Sb09g016150	<i>Transcription factor DREB2A; DNA</i>	0,731
	Sb01g045060	<i>Transcription factor RAP2.12 (related to AP2 12)</i>	-2,620
	Sb04g022780	<i>Response regulator 3; transcription regulator/ two-component response regulator (ARR3)</i>	-1,141
Transdução de sinais intracelulares	Sb03g046040	<i>Response regulator 9; transcription regulator/ two-component response regulator (ARR9)</i>	-1,063
	Sb03g038160	<i>Cinnamate-4-hydroxylase (C4H)</i>	0,645
Biossíntese de fenilpropanóides	Sb10g006270	<i>Cinnamyl-alcohol dehydrogenase (CAD)</i>	2,521
	Sb02g027330	<i>Peroxidase 17 (PER17)</i>	0,612
	Sb02g037840	<i>Peroxidase (PER)</i>	0,592
Atividade de	Sb08g018780	<i>Flavonoid 3'-monooxygenase/</i>	0,585

monooxygenase	<i>oxygen binding; (TT7, CYP75B1)</i>	
Sb02g009410	<i>Cytochrome P450 71B2 (CYP71B2)</i>	0,693
Sb02g036650	<i>Cytochrome P450 51G1 (CYP51G1)</i>	1,150
Sb03g028700	<i>Cytochrome P450 72A14 (CYP72A14)</i>	0,964
Sb07g000500	<i>Cytochrome P450 71A21 (CYP71A21)</i>	-2,818
Sb10g022470	<i>Cytochrome P450 79B2 (CYP79B2)</i>	0,715
Sb03g038160	<i>Cinnamate-4-hydroxylase (CH4)</i>	0,645
Sb08g005210	<i>Glycine dehydrogenase (GLDC)</i>	-0,691
Sb05g004590	<i>Fructose-bisphosphate aldolase (FBA)</i>	-0,609
Sb03g020182	<i>Ribulose biphosphate carboxylase large chain (RBCL)</i>	-0,772
Sb05g003480	<i>Ribulose biphosphate carboxylase small chain 1A (RBCS1A)</i>	-1,843
Metabolismo do carbono		
Sb06g020640	<i>Glucose-6-phosphate dehydrogenase 6 (G6PD6)</i>	1,307
Sb02g039250	<i>Glycolate oxidase (GOX)</i>	-0,918
Sb04g030950	<i>Phosphoribulokinase (PRK)</i>	-0,600
Sb01g012240	<i>Pyruvate kinase (PK)</i>	-0,896
Sb01g034390	<i>Pyruvate dehydrogenase kinase (PDK)</i>	-0,629
Sb03g003230	<i>Malate dehydrogenase (oxaloacetate-decarboxylating) (MDH)</i>	-0,640

* Genes que não possuem *p-value* < 0,05.

Fonte: elaborado pelo autor.

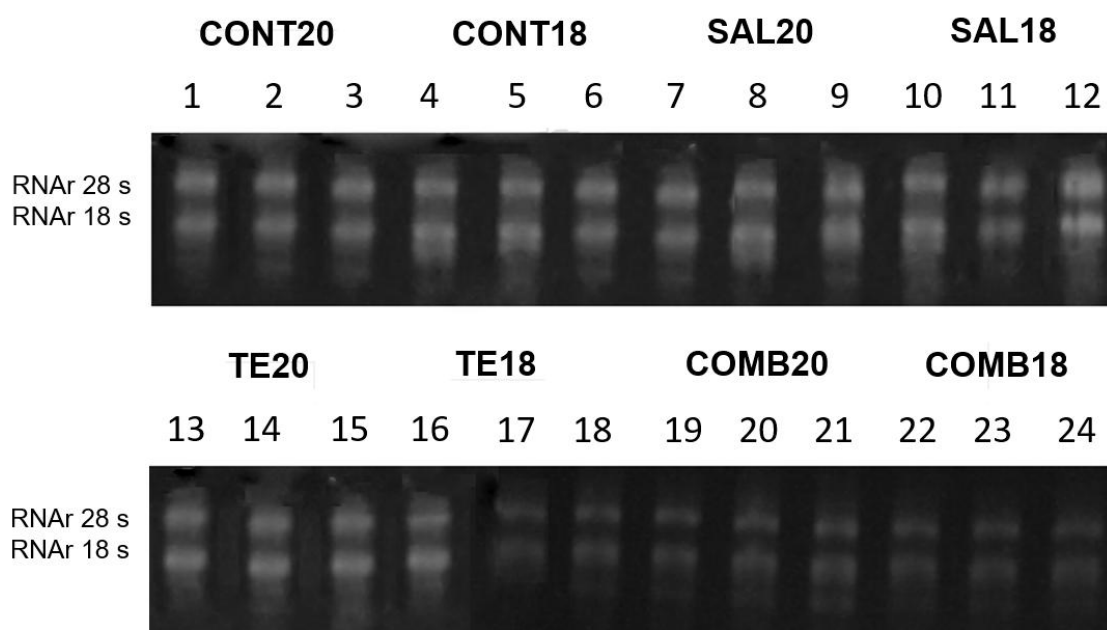
7.4 Validação dos dados de RNA-seq por PCR em tempo real

Para validar os dados de RNA-seq, os genes *PYL4*, *bZIP*, *DEAD-box ATP-dependenteRNAhelicase52B*, *RBCS1A*, *CAT1*, *MDHAR*, *MKK2*, *WRKY60*, *CRT1* e *HSP23.6-MITO* tiveram sua expressão mensurada por meio de PCR em tempo real (qPCR).

7.4.1 Qualidade do RNA total e reações de PCR quantitativa (qPCR)

Os dados de quantificação e integridade dos RNAs demonstraram que as amostras apresentaram excelente qualidade (**Dados não mostrados**), com concentrações variando entre 346,6 e 1210,5 ng/ μ L, e relações 260/280 e 260/230 apresentando valores em torno de 2 e acima de 2, respectivamente. Adicionalmente, os perfis dos géis de agarose a 1,5% demonstraram que os RNAs estavam íntegros, visto que as bandas do RNA ribossomal referentes às subunidades 18S e 28S foram visualizadas (**Figura 45**).

Figura 45. Análise da integridade do RNA total em gel de agarose (1,5 %), evidenciando as bandas do RNA ribossomal 18S e 28S. As amostras foram extraídas de folhas de plantas de sorgo, genótipos CSF20 (1-3, 7-9, 13-15 e 19-21) e CSF18 (4-6, 10-12, 16-18 e 22-24). Raias 1-3: controle CSF20; Raias 4-6: controle CSF18; Raias 7-9: estresse salino CSF20; Raias 10-12; estresse salino CSF18; Raias 13-15: temperatura elevada CSF20; Raias 16-18: temperatura elevada CSF18; Raias 19-21: estresse combinado CSF20; Raias 22-24: estresse combinado CSF18.

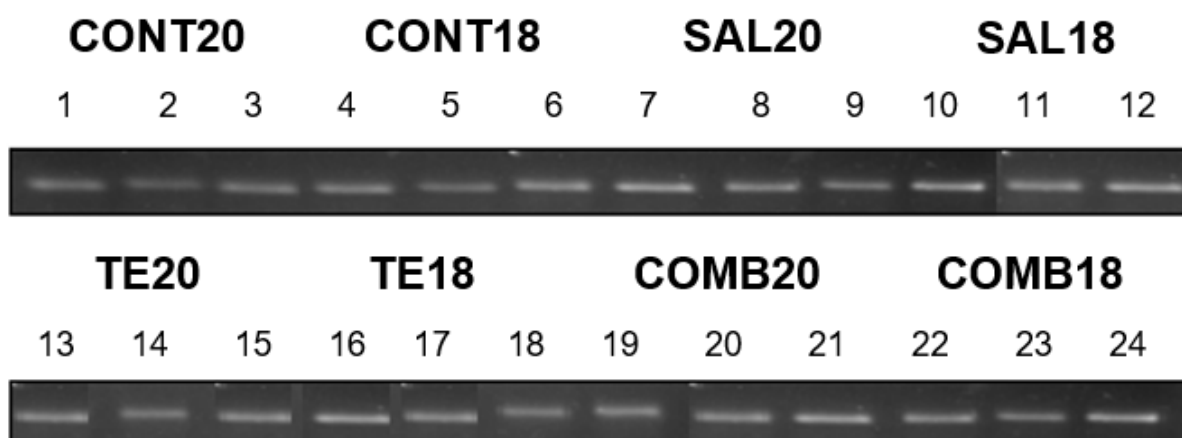


Fonte: elaborado pelo autor.

7.4.2 Qualidade do cDNA obtido pela reação de transcrição reversa

A qualidade do cDNA produzido via transcrição reversa foi verificada através de PCR semi - quantitativa, usando todas as amostras de cDNA produzido. A banda referente ao *amplicon* do gene *EF1 β 2*, usado para as reações, foi evidenciada nas diferentes amostras analisadas, demonstrando boa qualidade do cDNA produzido (Figura 46).

Figura 46. Eletroforese em gel de agarose (2 %) dos produtos de amplificação, via PCR semi - quantitativa, do gene do *fator de alongação 1 beta 2 (EF1 β 2)* para avaliação da qualidade do cDNA. As amostras foram extraídas de folhas de plantas de sorgo, genótipos CSF20 (1-3, 7-9, 13-15 e 19-21) e CSF18 (4-6, 10-12, 16-18 e 22-24). Raias 1-3: controle CSF20; Raias 4-6: controle CSF18; Raias 7-9: estresse salino CSF20; Raias 10-12; estresse salino CSF18; Raias 13-15: temperatura elevada CSF20; Raias 16-18: temperatura elevada CSF18; Raias 19-21: estresse combinado CSF20; Raias 22-24: estresse combinado CSF18.



Fonte: elaborado pelo autor.

7.4.3 Temperatura de anelamento e especificidade dos primers

A temperatura de anelamento empregada nos ensaios de qPCR foi selecionada com base nos ensaios de gradiente de temperatura. Para cada par de *primer*, as temperaturas selecionadas são apresentadas na **Tabela 1**.

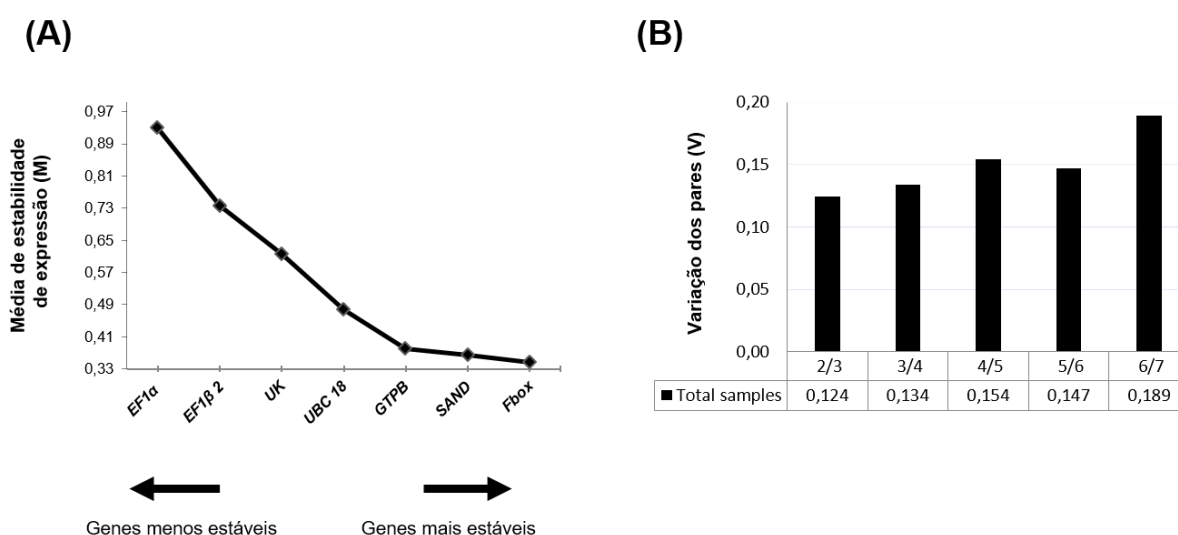
Vale ressaltar que a análise das curvas de dissociação mostrou a presença de um único pico, evidenciando que apenas um produto gênico foi amplificado e que não houve formação de dímeros de *primers* (**dados não mostrados**). A especificidade dos *primer* também foi confirmada através de eletroforese em gel de

agarose 2 %, onde se observou a presença de um único fragmento, com tamanho de amplicon esperado para todos os genes testados(**dados não mostrados**).

7.4.4 Análises da estabilidade de expressão dos genes candidatos a normalizadores

A média de estabilidade de expressão gênica (valor M) foi calculada através do software GeNorm, considerando um valor M abaixo do limite de 1,5, com o intuito de identificar (conjuntos de) genes de referência com expressão estável para cada condição estudada. Os resultados mostraram que todos os genes apresentaram um valor M menor que o limite de corte de 1,5(**Figura 47A**) e que dois genes (*Fbox* e *SAND*) foram suficientes para a normalização dos dados de qPCR, utilizando a variação Vabaixo do valor de corte (0,15) sugerido pela literatura (**Figura 47B**) ([VANDESOMPELE et al., 2002](#)).

Figura 47. Estabilidade de expressão dos 7 candidatos a genes de referência, considerando os dois genótipos de *Sorghum bicolor* e as diferentes condições experimentais: Controle (CONT), NaCl (SAL), temperatura elevada (TE) e na combinação de NaCl + Temperatura elevada (COMB). **(A)** Classificação fornecida pelo GeNorm para os candidatos a genes de referência. Genes com os menores valores M são os mais estáveis. **(B)** Gráfico dos valores V fornecidos pelo GeNorm para os sete candidatos a genes de referência.



Fonte: elaborado pelo autor.

7.4.5 Análise de expressão diferencial via qPCR

De modo geral, o padrão de modulação dos genes obtido nos ensaios de RNA-seq foi quase idêntico ao perfil obtido nos ensaios de qPCR. Ou seja, o padrão de expressão dos genes *PYL4*, *bZIP*, *DEAD-box ATP-dependente RNA helicase 52B*, *RBCS1A*, *CAT1*, *MDHAR*, *MKK2*, *WRKY60*, *CRT1* e *HSP23.6-MITO* mostrou resultados similares tanto nos níveis de expressão (*Log2 fold change*) quanto nos perfis de modulação. Essa idéia é corroborada pela análise de correlação de Pearson (*Pearson correlation*), em que os dois conjuntos de dados (RNA-seq e qPCR) apresentaram correlação fortemente positiva, com valores de R² variando entre 0,8057 e 0,9868 (**Figura 48**). Assim, pode-se afirmar que o perfil de regulação dos genes identificados como responsivos aos estresses isolados e combinados de salinidade e temperatura elevada oriundo dos estudos de RNA-seq é altamente confiável.

Figura 48. Continua.....

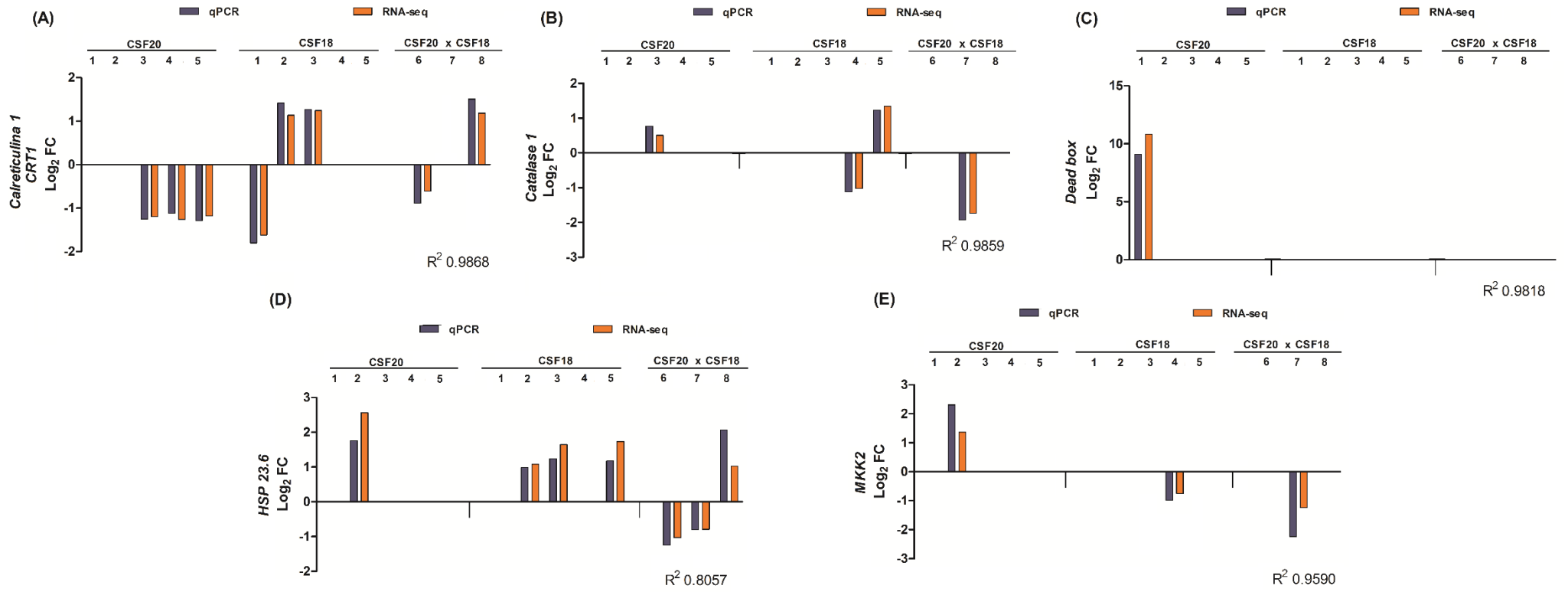
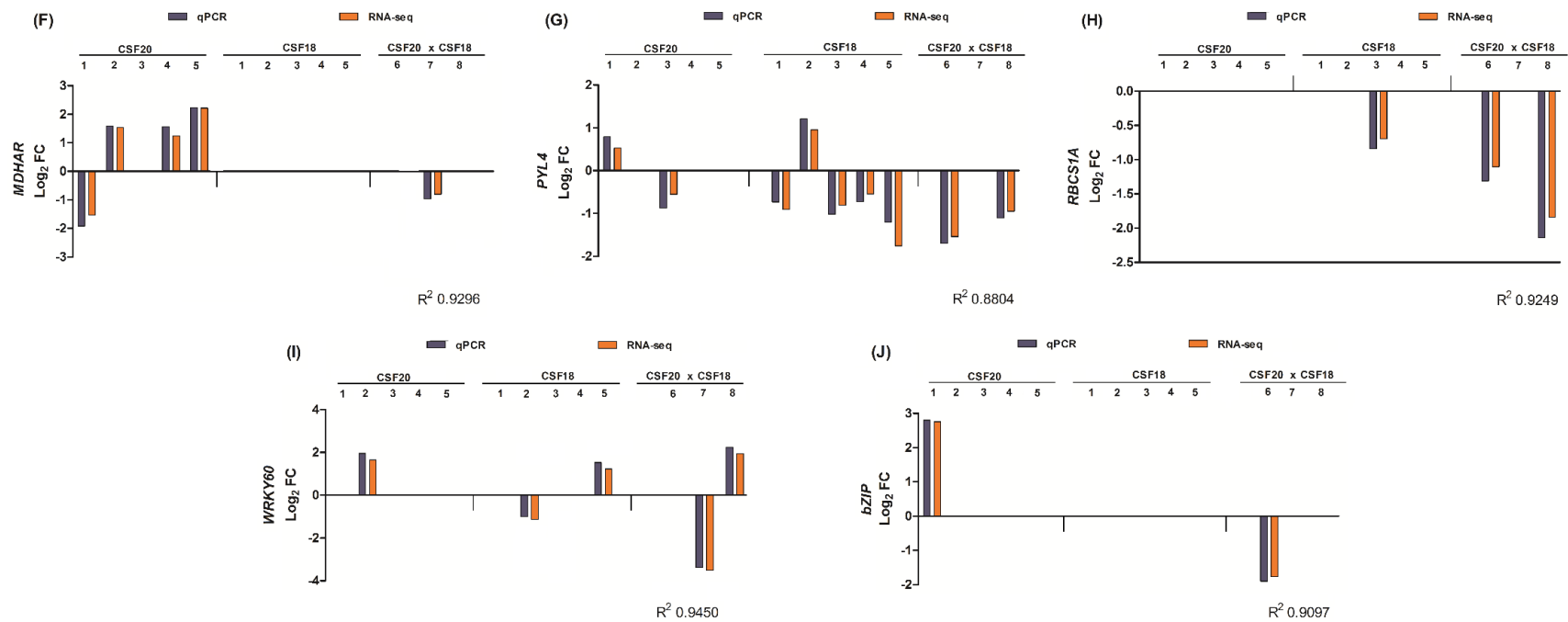


Figura 48. Análise de correlação do perfil de expressão dos genes *CRT1*(A), *CAT1*(B), *DEAD-box*(C), *HSP23.6-MITO*(D), *MKK2*(E), *MDHAR*(F), *PYL4*(G), *RBCS1A*(H), *WRKY60*(I) e *bZIP*(J) via PCR em tempo real (qPCR, azul) e sequenciamento de RNA (RNA-seq, laranja). Os valores representam o nível de regulação dos genes nas folhas de plantas de sorgo, genótipos CSF20 e CSF18, frente aos estresses isolados e combinados (COMB) de salinidade (SAL) e temperatura elevada (TE). As comparações estão apresentadas da seguinte forma: 1 (CONT x SAL), 2 (CONT x TE), 3 (CONT x COMB), 4 (SAL x COMB), 5 (TE x COMB), 6 (SAL20 x SAL18), 7 (TE20 x TE18) e 8 (COMB20 x COMB18). Nas comparações indicadas pelos números 4 e 5, valores de $Log_2 FC$ positivos indicam maior expressão no estresse combinado, ao passo que valores negativos indicam modulação positiva nos estresses salino e por temperatura elevada, respectivamente. Já nas comparações representadas pelos números 6, 7 e 8, valores de $Log_2 FC$ positivos representam maiores valores de expressão em plantas do genótipo CSF18, ao passo que $Log_2 FC$ negativo denota maior expressão nas plantas CSF20. Lacunas indicam que o gene não foi diferencialmente expresso dentro da comparação. Em todos os tratamentos e comparações (exemplo: CONT x SAL) os dados de qPCR (azul) apresentaram diferença estatística (p -value<0,05).



Fonte: elaborado pelo autor.

8 DISCUSSÃO

No presente estudo, dois genótipos de sorgo com tolerância diferencial à salinidade, CSF20 (tolerante) e CSF18 (sensível) (LACERDA *et al.*, 2003; COSTA *et al.*, 2005), foram submetidos aos estresses isolados e combinados de salinidade e temperatura elevada com o intuito de elucidar mecanismos de tolerância aos estresses abióticos. Os resultados demonstraram que as respostas das plantas de sorgo são bastante complexas e envolvem intrincadas vias de sinalização, as quais são dependentes do genótipo e do tipo de estresse.

8.1 Vias de sinalização e mecanismos de tolerância de plantas de sorgo ao estresse salino

Corroborando com os achados relatados em estudos anteriores, o estresse salino também limitou severamente o crescimento de plantas de sorgo, entretanto, verificou-se maior produção de biomassa no genótipo tolerante (CSF20) (Figuras 2 e 3). Plantas do genótipo CSF18 se mostraram altamente sensíveis à salinidade. Os resultados demonstraram que o padrão de tolerância é decorrente de respostas complexas, tanto a nível transcricional como funcional, bem como envolve inúmeros processos metabólicos.

A eficiência do aparato fotossintético é crucial para a tolerância à salinidade

A fotossíntese é o principal processo fisiológico dos vegetais, e é altamente sensível ao estresse salino, constituindo um fator limitante para o crescimento de inúmeras espécies de plantas, o que a torna um importante marcador de tolerância (NEGRÃO *et al.*, 2017; ACOSTA-MOTOS *et al.*, 2017). No presente estudo, a fotossíntese foi negativamente afetada pelo estresse salino, em plantas de sorgo de ambos os genótipos; contudo, um melhor desempenho fotossintético sob salinidade foi observado nas plantas do genótipo CSF20 (Figura 4A). Os resultados sugerem que os efeitos deletérios da salinidade foram decorrentes de fatores não estomáticos, pois embora a g_s tenha sido levemente reduzida (Figura 4C) em ambos os genótipos, as concentrações internas de CO_2 (Ci) se mantiveram inalteradas ou foram aumentadas pelo estresse salino (Figura 4E). Além disso, sob salinidade, plantas do genótipo tolerante apresentaram maior eficiência de carboxilação da Rubisco que àquelas do genótipo sensível (Figura 4D), o que coincidiu com a

ativação de diversos genes relacionados com o metabolismo do carbono (**Figura 21 e Tabelas 6e S3**) e a maior produção de biomassa no genótipo CSF20 (**Figura 3**).

O melhor desempenho fotossintético das plantas do genótipo CSF20 pode ser atribuído à melhor eficiência fotoquímica do fotossistema II (**Figura 5**). Sob salinidade, a alta eficiência quântica efetiva do PSII ($\Delta F/F_m'$) (**Figura 5A**) foi correlacionada com o maior fluxo de elétrons através da CTE (ETR) (**Figura 5E**) e maior dissipação fotoquímica (q_p) (**Figura 5C**). Além disso, sob estresse salino, as altas taxas de assimilação de CO₂ e a maior eficiência fotoquímica do genótipo tolerante coincidiram com o acúmulo de pigmentos fotossintéticos (**Figuras 4, 5 e 6**). Interessantemente, o maior conteúdo de clorofilas e carotenoides nas folhas das plantas do genótipo tolerante foi concordante com a regulação positiva do gene *HEMA1* (*glutamyl-tRNA reductase 1*) (**Tabelas 6e S3**), que é responsável pela síntese de precursores da clorofila e reconhecidamente importante nas respostas à seca (PEREMARTI *et al.*, 2014) e à salinidade (TURAN; TRIPATHY, 2015; SKORUPA *et al.*, 2016; HAJRAH *et al.*, 2017).

Plantas CSF20 mostraram altos níveis de expressão de genes que codificam para a Ribulose 1,5-bisfosfato carboxilase / oxigenase (Rubisco) (genes *RBCS1A* e *RCBL*) (**Figuras 4, 5, 6 e 48H; Tabelas 6e S3**). Recentes estudos têm salientado a importância da subunidade menor da Rubisco, que é codificada por uma família multigênica RBCS nuclear, para a manutenção da fotossíntese frente a condições ambientais adversas (MASTROBUONI *et al.*, 2012). Em *Arabidopsis*, a expressão dos genes *RBCS1A* e *RBCS3B* contribuiu fortemente para a produção e acúmulo da Rubisco, resultando na manutenção da capacidade fotossintética das plantas sob condições de alto e baixo CO₂ (IZUMI *et al.*, 2012).

De modo similar, Jiang e colaboradores (2012) e Huang e colaboradores (2017) mostraram que a expressão do gene *RBCS1A* foi regulada positivamente em plantas de *Populus yunnanensis* e *Arabidopsis pumila*, respectivamente, sob condições de estresse salino. Ao mesmo tempo, Tao e colaboradores (2013) atribuíram a alta expressão do gene *RBCL* em plantas de *Perennial ryegrass*, genótipo BARLP 4317 (tolerante ao excesso de sais), como um dos mecanismos responsáveis pela tolerância à salinidade.

No genótipo sensível, a menor eficiência fotossintética foi atribuída a uma baixa eficiência fotoquímica, evidenciada pelas reduções nos parâmetros de $\Delta F/F_m'$, **ETR** e q_p , bem como pela maior relação **ETR/A**, indicando um dreno alternativo para dissipação de elétrons (**Figuras 4 e 5**). O aumento da relação **ETR/A** indica um desequilíbrio entre o fluxo de elétrons na CTE dos tilacóides e a assimilação de CO₂ durante a fotossíntese (KITAO *et al.*, 2003; GEORGIEVA *et al.*, 2007; SILVA *et al.*, 2011). Nesse sentido, os elétrons não empregados na assimilação de CO₂ podem ter sido direcionados para outros processos celulares, incluindo a fotorrespiração, metabolismo do nitrogênio ou a reação de Mehler (BAKER *et al.*, 2007; RIBEIRO *et al.*, 2009). Assim, um maior indicativo de dreno alternativo de elétrons (\uparrow **ETR/A**), associado com a menor eficiência de carboxilação da Rubisco (\downarrow **A/Ci**), sugere uma perda na eficiência fotoquímica nas plantas estressadas do genótipo CSF18, o que pode ter ocasionado menor produção de ATP e NADPH para as reações de carboxilação da Rubisco (**Figuras 4A e 5**).

Notavelmente, a inibição do transporte de elétrons fotossintéticos (**Figura 5E**) pode também ter promovido um acúmulo excessivo de EROs, resultando em danos oxidativos nas membranas celulares (**Figura 9**) e interrompendo a homeostase redox celular. Como consequência, as EROs em excesso acarretaram danos severos ao aparato fotossintético, incluindo a degradação dos pigmentos fotossintéticos e de componentes estruturais dos fotossistemas (**Figura 6**). Essa ideia é apoiada pelos dados de transcriptômica, em que plantas do genótipo CSF18 mostraram altos níveis de expressão de genes relacionados à montagem/reparo dos fotossistemas I e II (**Figuras 19Ae 22; Tabelas 6e S3**); sugerindo que a degradação dos componentes estruturais dos fotossistemas pode ter sido o fator preponderante para a menor eficiência fotoquímica e consequente redução na assimilação de CO₂ das plantas CSF18 submetidas ao estresse salino (**Figuras 4, 5, 19Ae 22**).

Ainda nessa linha de raciocínio, recentes estudos têm demonstrado que espécies tolerantes aos sais apresentam menor expressão de genes que codificam componentes estruturais da cadeia de transporte de elétrons (CTE) tilacoidal. Exemplos disso foram reportados nos estudos de Guan e colaboradores (2017) com plantas de *Chrysanthemum crassum*, uma espécie tolerante à salinidade. Os autores demonstraram que os genes *LHCA4* (*chlorophyll a/b binding protein*

4), *PsbA* (photosystem II protein D1), *PsbO* (photosystem II oxygen-evolving enhancer protein 1), *PsaD* (photosystem I subunit II) e *PsaH* (photosystem I subunit VI) foram regulados negativamente pela salinidade. Resultados semelhantes foram também observados para plantas de sorgo do genótipo CSF20 (**Tabelas 6e S3**).

O controle restrito da homeostase iônica está intimamente relacionado à aclimação ao excesso de sais

Diversos estudos têm demonstrado que o controle refinado da homeostase iônica, envolvendo principalmente os íons Na^+ e K^+ , é um fator preponderante para a tolerância de plantas ao estresse salino (MUNNS; TESTER, 2008; CRAIG PLETT; MØLLER, 2010; PENG *et al.*, 2016; MIRANDA *et al.*, 2016; MIRANDA *et al.*, 2017; ASSAHA *et al.*, 2017). Corroborando com essa hipótese, sob salinidade, plantas do genótipo CSF20 mostraram menor acúmulo de Na^+ e maior de K^+ nas folhas e, conseqüentemente, estabeleceram uma maior relação K^+/Na^+ quando comparadas com plantas do genótipo CSF18 (**Figura 8**). Tais resultados estão de acordo com estudos prévios com plantas de sorgo, em que genótipos tolerantes apresentaram maior capacidade para evitar o acúmulo de íons tóxicos, tais como o Na^+ , e para manter níveis adequados de K^+ , principalmente na parte aérea (LACERDA *et al.*, 2001; LACERDA *et al.*, 2003).

Em glicófitas, a redução do acúmulo de Na^+ nos tecidos pode ocorrer pelo aumento da exclusão desse íon nas células das raízes; redução no carregamento de Na^+ no xilema ou intensificação de sua retirada antes de chegar à parte aérea; aumento da recirculação dos sais da parte aérea via floema; aumentada compartimentação ou da alocação dos sais para locais particulares da parte aérea (como as folhas mais velhas) (MUNNS; TESTER, 2008).

Nesse estudo, a redução no acúmulo de Na^+ nas folhas do genótipo tolerante pode ter sido decorrente de dois mecanismos principais (**Figura 8**). Primeiro, plantas CSF20 provavelmente ativaram mais eficientemente a via de sinalização SOS nas raízes, que culminou na exclusão de Na^+ mediada pelo antiporte Na^+/H^+ (SOS1) e menor carregamento do xilema, conforme descrito previamente por Miranda e colaboradores (2017). Segundo, o Na^+ absorvido e translocado para os tecidos aéreos pode ter sido compartimentado nos vacúolos através da operação do antiporte Na^+/H^+ (NHX). Essa ideia é corroborada com a expressão do gene que

codifica para a proteína NHX2 (ID: Sb09g003590) que, na presença de NaCl, foi muito superior nas folhas das plantas do genótipo tolerante (contagem por milhão - 198,4) em comparação ao genótipo sensível (contagem por milhão - 0,92) (**Tabela 6**).

O aumento da operação do antiporte NHX nas folhas de plantas CSF20 pode ter sido resultado de uma rede complexa de sinalização envolvendo a ativação do gene *SOS2*, em via uma via independente de alguma ativação do gene *SOS3* (QIU *et al.*, 2004; KIM *et al.*, 2007; HUERTAS *et al.*, 2012). Curiosamente, plantas estressadas CSF20 mostraram expressão altíssima dos genes que codificam para a proteína *SOS2* (**Tabelas 6 e S1**), sem haver correlação com incrementos na expressão do gene *SOS1*, que foi detectado em níveis baixíssimos (**Dados não mostrados**).

Vale ressaltar que plantas do genótipo sensível podem também ter ativado os mesmos mecanismos de exclusão de Na⁺ nas raízes e compartimentação dele na parte aérea, porém em menor intensidade. Mesmo assim, para evitar a exposição massiva dos tecidos fotossintetizantes à toxicidade do Na⁺, as plantas provavelmente ativaram mecanismos de recirculação desse íon, promovendo o carregamento dele na seiva do floema por meio da atividade de transportadores HKT. Nesse grupo de plantas sob estresse, o gene *HKT1* foi super expresso nos tecidos foliares (contagem por milhão - 440) quando comparado com plantas CSF20 (contagem por milhão - 30,6) (**Tabela 6**). Entretanto, os mecanismos de recirculação não foram eficientes para evitar o acúmulo de Na⁺ em níveis tóxicos nos tecidos aéreos, especialmente nas células do mesófilo, o que resultou em danos severos no aparato e eficiência fotossintética e, conseqüentemente, aumentou a sensibilidade de plantas CSF18 ao estresse salino (**Figuras 3, 4, 5, 6 e 8**).

A aclimação ao estresse salino é correlacionada com menores danos oxidativos e maior funcionamento do sistema antioxidante de defesa

Como citado anteriormente, plantas do genótipo CSF20 mostraram menores danos de membrana (**Figura 9**), um padrão de resposta normalmente observado para espécies tolerantes ao estresse salino (FERREIRA-SILVA *et al.*, 2008; GADELHA *et al.*, 2017; RAHMAN *et al.*, 2017). Nesse grupo de plantas, a redução dos danos oxidativos foi atribuída a maior intensificação do sistema

antioxidante de defesa, envolvendo principalmente as enzimas **CAT** e **GPOD**(**Figura 10A** e **10C**).

A maior operação do sistema antioxidante de defesa nas plantas CSF20 foi correlacionada com a regulação positiva dos genes *NOA1* (*sintetasedoóxido nítrico sintetase*)e *MPK1* (*proteína quinase fostatase 1 mitogeno ativada*) (**Tabelas6** e **S1**), os quais estão envolvidos nas vias de sinalização para a manutenção do equilíbrio redox em plantas. Evidências disso foram reportadas por Ahmad e colaboradores (2016) e Gadelha e colaboradores (2017)em plantas de *Cicer arietinum* e *Jatropha curcas*, respectivamente. Os autores demonstraram que a aplicação exógena de óxido nítrico (NO) estimulou a atividade das enzimas antioxidantes, o que limitou o acúmulo excessivo de EROs e atenuou os efeitos deletérios da salinidade sobre o crescimento das plantas. Além disso, a cascata de sinalização da MAPK também foi citada por estar envolvida nas vias de transdução de sinais (envolvendo NO, EROs e ABA) para eliminação de EROs durante a resistência aos estresses bióticos e abióticos (ZHOU *et al.*, 2014; LIU; HE 2017). Em *Arabidopsis*, o gene *MPK1* foi super expresso sob salinidade e identificado como decisivo para a aclimação ao estresse salino(ZAIDI *et al.*, 2016). Os autores relataram que o gene *MPK1* atua como regulador positivo na ativação das enzimas antioxidantes (tais como dismutase do superóxido, catalase e peroxidases), aliviando os danos oxidativos nos tecidos das plantas (ZAIDI *et al.*, 2016).

Os genes *CHS* e *HEMA1*, com eficiência comprovada na indução do sistema antioxidante (THU-HA *et al.*,2011; LIJUAN *et al.*, 2015; PI *et al.*, 2016;), também apresentaram regulação positiva e podem estar envolvidos nas rotas de sinalização que medeiam as respostas das plantas do genótipo CSF20 ao estresse salino (**Figura 19B**; **Tabelas 6e S3**). Curiosamente, a atuação do gene *CHS*, que codifica para a enzima-chave da via de biossíntese de flavonoides(FINI *et al.*, 2011; AGATI *et al.*, 2012) foi fundamental para a regulação da homeostase redox e tolerância à salinidadeem plantas de soja (PI *et al.*, 2016) e de tabaco (LIJUAN *et al.*, 2015). Convém salientar que, no genótipo tolerante, embora o gene *APX4*(**Tabelas 6e S3**)tenha apresentado regulação positiva nas plantas estressadas com NaCl, essa modulação não foi refletida em atividade da enzima**APX** (**Figura 10B**), sugerindo que modificações pós-transcricionais ou traducionais se sobrepõem ao controle transcricional.

Em adição aos genes citados anteriormente, genes envolvidos na biossíntese de carotenoides (que atuam como precursores de hormônios vegetais e substâncias antioxidantes), foram mais expressos nas folhas das plantas do genótipo tolerante CSF20 (**Tabelas 6e S3**). Nesse sentido, além de auxiliar na manutenção dos níveis de pigmentos fotossintéticos e assimilação de CO₂(**Figuras 4, 6 e 19B**), a alta ativação dessa via provavelmente resultou em uma maior capacidade antioxidante, um fenômeno frequentemente observado em inúmeras espécies de plantas (PANG *et al.*, 2008; CHEN *et al.*, 2016; WEI *et al.*, 2017, PANDEY *et al.*, 2017).

Ao contrário do observado nas plantas CSF20, os resultados mostraram que a **APX** e **SOD** foram as principais enzimas responsivas à salinidade no genótipo sensível (**Figura 10B e D**), porém as respostas foram menos eficientes para evitar danos oxidativos às membranas celulares (**Figura 9**) e ao aparato fotossintético (**Figuras 4, 5 e 22**), resultando na maior sensibilidade das plantas ao excesso de sais (**Figura 3**). O aumento da atividade da **APX** foi resultado de um controle transcricional, pois plantas estressadas apresentaram maior número de transcritos (contagem por milhão) dos genes *APX1* (742), *APXtilacoidal* (147) e *APXestromal* (383) que plantas controle (360, 14 e 35, respectivamente) (**Tabela 6**). Os resultados sugerem que, nas condições experimentais analisadas, as enzimas **CAT** e **GPOD** são mais determinantes para o controle da homeostase redox nas folhas das plantas de sorgo que as enzimas **APX** e **SOD**.

As rotas de transdução por fitohormônios envolvem vias intrincadas durante as respostas de aclimação ao estresse salino

A resposta das plantas a determinado estresse envolve inúmeras alterações de processos biológicos, as quais são influenciadas/alteradas pelo balanço hormonal. Os hormônios etileno (ET), ácido salicílico (SA) e jasmonato (JA) desempenham papéis importantes na mediação da defesa da planta contra estresses abióticos (RYU; CHO, 2015),entretanto a maioria das rotas de defesa de plantas contra estresses abióticos (seca, salinidade, frio etemperatura elevada) é mediada principalmente pelo ácido abscísico (ABA) (ZHANG, *et al.*, 2006; ZHU, 2016; VISHWAKARMA *et al.*, 2017). A elevação dos níveis de ABA desencadeia a sinalização em cascata de inúmeros genes responsivos a estresses (ZHU, 2016), podendo envolver a participação de mensageiros secundários (tais como o Ca²⁺ e

EROs) (SAKAMOTO *et al.*, 2008), desencadeando respostas de defesa (JIANG; ZHANG, 2002).

No presente estudo, apenas plantas do genótipo tolerante mostraram aumentos na expressão de genes relacionados à sinalização dependente de ABA (**Figuras 17A, 19B, 20, 48G e 48J; Tabelas 6, S1 e S3**). Durante as repostas ao estresse salino, o ABA pode ter sinalizado direta e indiretamente para modular diversos processos fisiológicos e metabólicos nos tecidos das plantas de sorgo:

- (i.) sinalizado para um controle refinado da condutância estomática (**Figuras 4C e 31**) sem que houvesse restrição severa na entrada de CO₂ para a câmara subestomática, uma vez que as concentrações internas de CO₂ não foram afetadas negativamente pela salinidade (**Figura 4E**);
- (ii.) ativado a enzima NADPH-oxidase [o gene *RBOHD* (ID: Sb05g020380) foi super expresso sob salinidade](**Tabela 6e S3**) para produção de H₂O₂ e sinalização secundária de outros processos (MA *et al.* 2012; JALMI; SINHA, 2015);
- (iii.) induzido diversas rotas de sinalização, incluindo fatores de transcrição (FTs) pertencentes a várias classes [*AP2/ERF* (IDs: Sb07g020090, Sb01g045060 e Sb06g016710), *MYB* (IDs: Sb01g032240, Sb09g022060 e Sb08g019720), *DREB2A* (ID: Sb09g016150)] (**Tabelas 6e S3**), que podem convergir para diferentes repostas ao estresse (YUN *et al.*, 2010; ZHU *et al.*, 2013; ROYCHOUDHURY *et al.*, 2013; CHEN *et al.*, 2017; LI *et al.*, 2017); dentre outros.

Os dados obtidos sugerem que o ABA pode ter desempenhado papel essencial nas respostas de defesa das plantas de sorgo ao estresse salino; entretanto, mais estudos são necessários para elucidar os alvos de modulação e a sequência correta das vias intrincadas de respostas. Vale ressaltar que a interação com outros hormônios também deve ser estudada, pois inúmeros genes envolvidos nos processos de biossíntese e sinalização do etileno, auxina, ácido salicílico e brassinosteróides apresentaram expressão aumentada sob salinidade (**Figuras 17Ae 19B; Tabelas 6,S1e S3**).

De modo interessante, no genótipo CSF20, observou-se que a expressão do gene *DEAD-box ATP-dependente RNA helicase 52B* (ID: Sb02g005950) foi muito superior nas plantas estressadas em relação ao controle, sendo o gene que apresentou maior variação de expressão em resposta à salinidade, com *Log2 fold change*= 10,78(**Figura 48C; Tabelas 6 e S1**). Este gene foi encontrado como crucial em plantas de tomate para a tolerância aos estresses hídrico e salino (ZHU *et al.*, 2015), bem como durante as respostas a outros estresses abióticos, tais como desidratação, ABA e luz azul/vermelha em arroz (MACOVEI *et al.*, 2012).

As proteínas DEAD-box estão envolvidas em quase todos os processos do metabolismo do RNA e diversas funções celulares, incluindo o crescimento e desenvolvimento das plantas (CORDIN, *et al.*, 2006; GILL *et al.*, 2013). Tais proteínas também são potentes candidatas a atuarem como chaperonas de RNA, tendo em vista que podem usar a energia derivada da hidrólise do ATP para promover o enovelamento correto do RNA (TANNER; LINDER, 2001). Em arroz, Gill e colaboradores (2013) sugeriram que o gene *DEAD-box* (nomeado PDH45), um membro da família das DEAD-box helicases, mediou a tolerância ao estresse salino através da regulação positiva da maquinaria antioxidante. As mesmas respostas podem ter ocorrido nas plantas de sorgo do genótipo tolerante (**Figuras 9 e 10; Tabelas 6 e S1**).

Visão geral das respostas de plantas de sorgo ao estresse salino

A análise conjunta dos dados demonstra que as vias de sinalização e os processos metabólicos de tolerância de plantas de sorgo ao estresse salino envolvem diferentes alvos gênicos e uma rede complexa e intrincada de respostas em diferentes níveis, como mostrado na **Figura 49**.

Figura 49. Continua.....

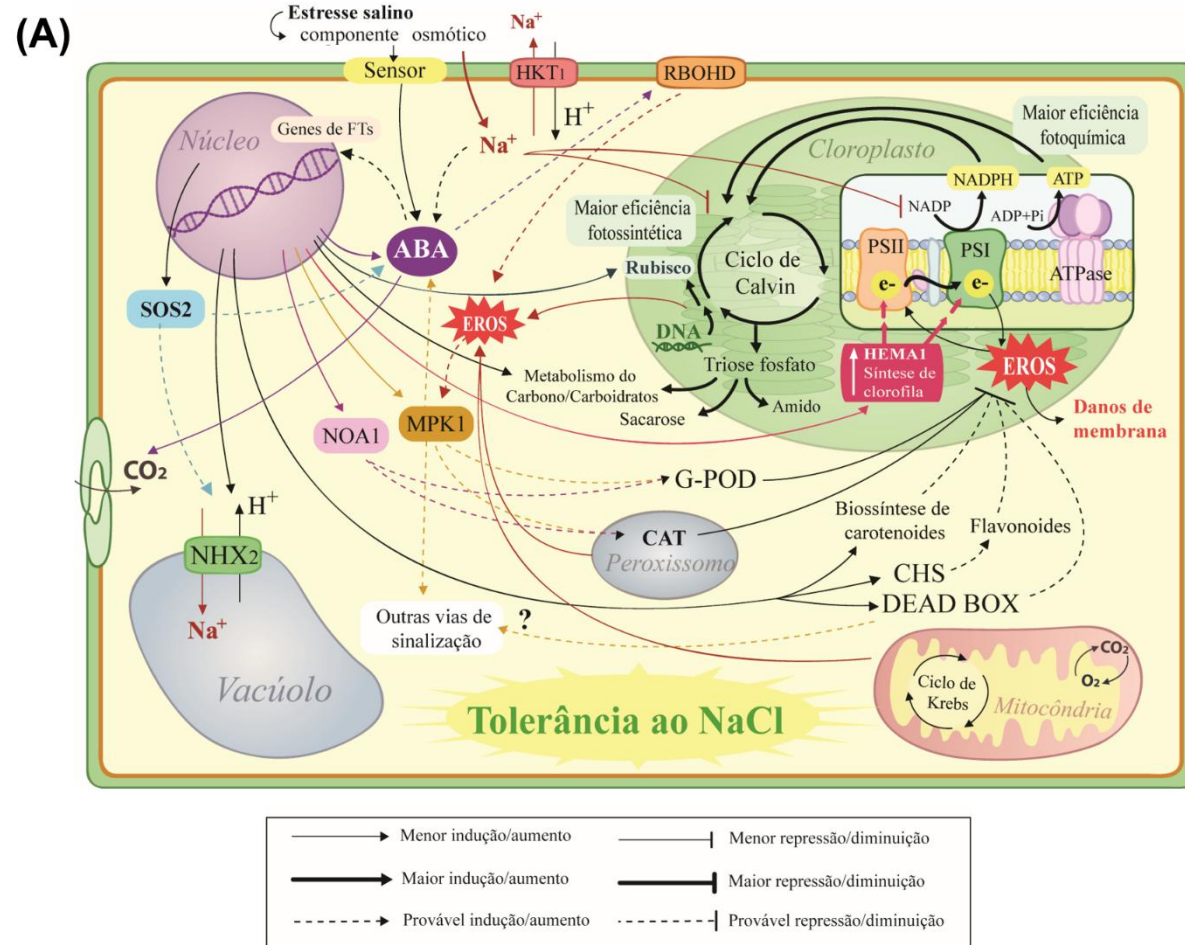
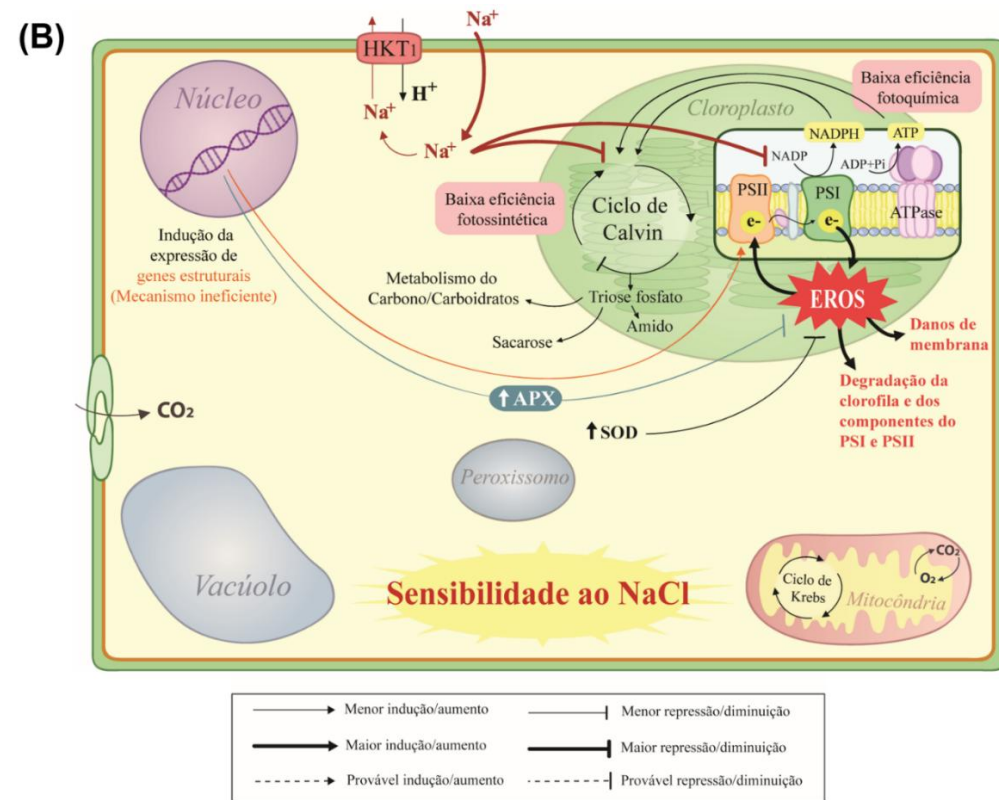


Figura 49. Modelo proposto para as vias de sinalização de plantas de dois genótipos de sorgo (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) com tolerância diferencial ao estresse salino. **(A)** Respostas do genótipo tolerante (CSF20), **(B)** Respostas do genótipo sensível (CSF18). **Abreviaturas:** **SOS2** - do inglês, *Salt overly sensitive 2*, **MPK1** - proteína quinase fosfatase 1 mitogênica ativada, **NOA1** - Óxido nítrico sintetase, **CAT** - Catalase, **GPOD** - Peroxidase do guaiacol, **NHX2** - Transportador antiporte Na^+/H^+ , **HEMA1** - do inglês, *Glutamyl-tRNA reductase 1*, **CHS** - do inglês, *Naringenin-chalcone synthase*, **DEAD BOX** - do inglês, *DEAD-box ATP-dependente RNA helicase 52B*, **RBOHD** - do inglês, *Respiratory burst oxidase homologue D*; **NAD(P)H oxidase**, **APX** -, Peroxidase do ascorbato, **SOD** - Dismutase do superóxido e **HKT1** - Transportador de alta afinidade do íon K^+ .



Fonte: elaborado pelo autor.

8.2 Vias de sinalização e respostas ao estresse por temperatura elevada em plantas de sorgo

Sob estresse por temperatura elevada, dependendo do genótipo, as plantas de sorgo apresentaram modulação diferencial em diversos processos fisiológicos, bioquímicos e moleculares. Durante o período de tempo analisado (12 e 24 h da imposição dos tratamentos) não foi possível identificar variações significativas no crescimento das plantas (**Dados não mostrados**). Portanto, a discussão dos resultados é feita levando em consideração o padrão de respostas e as vias metabólicas que, em teoria, poderiam resultar na maior tolerância a esse estresse na exposição em longo prazo.

Desempenho do aparato fotossintético de genótipos de sorgo submetidos a altas temperaturas

Dentre os estresses abióticos que limitam a fotossíntese, a temperatura elevada tem se mostrado a condição ambiental que mais prejudica a eficiência do aparato fotossintético em plantas (ALLAKHVERDIEV *et al.*, 2008). Os fotossistemas (PSI e PSII) são extremamente sensíveis a altas temperaturas (CAJÁNEK *et al.*, 1998) e lesões induzidas pelo calor podem inibir o transporte de elétrons fotossintéticos e, conseqüentemente, os processos de assimilação de CO₂ (FENG *et al.*, 2014; IQBAL *et al.*, 2017).

No presente estudo, as taxas de assimilação de CO₂ de plantas de sorgo não foram afetadas negativamente sob condições de alta temperatura; entretanto, nessas condições, o genótipo CSF20 foi o que apresentou maiores taxas fotossintéticas (↑eficiência de carboxilação da Rubisco)(**Figura 4A**) durante o período de tempo analisado. O melhor desempenho da fotossíntese foi atribuído a alta eficiência fotoquímica, evidenciada pelos maiores índices de eficiência efetiva do PSII (**Figura 5A**), dissipação fotoquímica (q_p) (**Figura 5C**) e taxa de transporte de elétrons (**Figura 5E**). Além disso, as altas taxas de assimilação de CO₂ foram acompanhadas pelo aumento na expressão de genes envolvidos com o metabolismo dos aminoácidos e do carbono (**Figuras 28e 30**).

Em contraste, embora as plantas do genótipo CSF18 praticamente tenham mantido taxas fotossintéticas inalteradas sob altas temperaturas (**Figura 4A**),

inúmeros genes relacionados à montagem e reparo dos fotossistemas foram regulados positivamente sob o referido estresse (**Figuras 24A, 25A e 26; Tabelas 7, S2 e S3**). Tal fenômeno indica que o aparato fotossintético das plantas CSF18 é mais susceptível a elevadas temperaturas que àquele do CSF20; no entanto, esse mecanismo, ativado na tentativa de reparar o aparato fotossintético, foi capaz de auxiliar na manutenção fotossíntese. Associado a isso, plantas CSF18 ativaram a expressão de genes relacionados ao metabolismo dos carboidratos e carbono (**Figuras 24A; Tabelas 7 e S2**). Interessantemente, [Nymark e colaboradores \(2009\)](#) relataram que danos aos fotossistemas engatilharam a expressão de genes relacionados à montagem/reparo do aparato fotossintético. Essa ideia é também corroborada pelos dados obtidos das plantas CSF20, em que não houve ativação de genes que codificam para componentes estruturais dos fotossistemas (**Figura 23A e 25B; Tabelas 7, S1 e S3**) e a eficiência fotoquímica foi aumentada sob condições de estresse (**Figura 5**).

O indicativo de danos estruturais aos fotossistemas pelo estresse de temperatura elevada (**Figuras 24A, 25A e 26; Tabelas 7, S2 e S3**) nas plantas CSF18 também coincidiu com uma maior degradação de pigmentos fotossintéticos (***Clfa*, *Clf total***) (**Figura 6A, B e C**). No entanto, nesse genótipo, genes relacionados à biossíntese de clorofila [*HEMA1*, *CYP38* e *CRB*] foram mais expressos em relação ao controle (**Tabelas 7 e S2**). A redução no acúmulo de ***Clfa*, *b*** e ***totalé*** correlacionada com o menor desempenho fotossintético e sensibilidade de plantas à estresses abióticos, como reportado em sorgo ([JAGTAP et al., 1998](#)), milho e arroz ([KUMAR et al., 2012](#)). Nesse estudo, mesmo não tendo sido registrado decréscimos na assimilação de CO₂ e na eficiência do PSII das plantas de sorgo, a degradação dos pigmentos fotossintéticos (após 24 h) sugere que a temperatura elevada poderia causar consequências drásticas ao desempenho do aparato fotossintético com o maior tempo de exposição ao estresse.

Vale ressaltar que, sob altas temperaturas, plantas de ambos genótipos mostraram incrementos nas taxas de condutância estomática que culminaram em altas taxas transpiratórias (**Figura 4B e C**). Esse mecanismo foi ativado na tentativa de resfriar os tecidos das plantas ([CRAWFORD et al., 2012](#); [URBAN et al., 2016](#)), uma vez que a temperatura foliar se encontrava alta (**Figura 7C**). Como resultado, a redução da temperatura foliar via transpiração minimizou os danos as membranas

biológicas, principalmente no genótipo CSF20 (MITLER, 2006; ZHANG; SHARKEY, 2009). Além disso, o maior transporte de água ao longo dos tecidos da planta (para transpiração) foi correlacionado com a maior eficiência intrínseca do uso da água (**Figura 7B**) e resultou em um maior teor relativo de água nos tecidos foliares (**Figura 7A**). De modo similar, Rivero e colaboradores(2013) observaram aumento no teor relativo de água e transpiração em plantas de tomate submetidas ao estresse por temperatura elevada, bem como no estresse combinado (salinidade + temperatura elevada).

Plantas de sorgo do genótipo CSF20 apresentam respostas efetivas na mitigação dos danos oxidativos sob altas temperaturas

Os teores de MDA podem estimar a extensão da peroxidação lipídica em membranas biológicas causada pelo estresse oxidativo (HODGES *et al.*, 1999; WEBER *et al.*, 2004; ZOELLER *et al.*, 2012; YONNY *et al.*, 2017). No presente estudo, plantas de sorgo submetidas a altas temperaturas mostraram aumentos nas concentrações de MDA e no vazamento de eletrólitos (**Figura 9**), indicando que ocorreram danos às membranas celulares. Entretanto, a intensidade dos danos foi maior nas plantas do genótipo CSF18.

Para aliviar os danos oxidativos, as enzimas **CAT**, **APX**, **GPOD** e **SOD** foram acionadas sob condições de estresse; no entanto, o padrão de resposta foi dependente do genótipo de sorgo e do tempo analisado (**Figura 10**). Plantas CSF18 ativaram exclusivamente as enzimas **APX** e **SOD**(**Figura 10B e D**), enquanto às do CSF20 mostraram ativação da **CAT** e **GPOD** (**Figura 10A e C**). Adicionalmente, no genótipo CSF20, o aumento de atividade da **CAT** foi acompanhado pela maior expressão dos genes *CAT1* e *CAT2*(**Figuras 29 e 48B; Tabelas 7 e S3**), ao passo que em plantas CSF18 o gene *APX4* foi regulado positivamente (**Tabelas 7 e S2**). Os dados sugerem que as enzimas **CAT** e **GPOD** exercem papel mais efetivo na mitigação dos danos oxidativos sob altas temperaturas que a **APX** e **SOD**, uma vez que plantas CSF20 apresentaram menores teores de MDA (**Figura 9A**), o que pode ter auxiliado na manutenção da estrutura do aparato fotossintético (**Figura 6 e 37**) e maior eficiência dos processos de assimilação de CO₂(**Figuras 4A e 5**).

Vale ressaltar que diversos genes também foram importantes na rede de respostas para maior eficiência do sistema antioxidante das plantas CSF20 sob

temperatura elevada. A expressão do gene *PER17* e outras *peroxidases* foi maior nas plantas submetidas a altas temperaturas (**Tabelas 7e S3**), que coincidiu com a alta atividade da **GPOD**. De modo similar, estudos recentes mostraram que a **GPOD** constitui uma importante rota de defesa antioxidante, sendo que a atividade dessa enzima foi incrementada em espécies de plantas tolerantes a altas temperaturas, tais como o milho, *Brassica juncea* e sorgo (HUSSAIN *et al.*, 2016; WILSON *et al.*, 2014; GOSAVI *et al.*, 2014).

Os genes *P5CS2* (envolvido na síntese de prolina), *PMSR2* (reparo de proteínas oxidadas), *PAO2*, *PAO4* e *PAO5* (metabolismo de poliaminas) e *TRX-M4* (tioredoxinas - proteínas Trx) foram mais expressos nos tecidos das plantas CSF20 sob altas temperaturas (**Tabelas 7e S3; Figura 25B**). Adicionalmente, os genes *MDHAR* e *L-ascorbate oxidase*, que participam do ciclo ascorbato/glutationa, foram mais expressos no genótipo CSF20 (**Figura 48F; Tabelas 7, S1 e S3**). Tais genes têm papéis fundamentais nas respostas ao estresse oxidativo e auxiliam na regulação do estado redox em plantas (HISABORI *et al.*, 2007; MA *et al.*, 2008; YONG-FANG *et al.*, 2013; LIU *et al.*, 2015).

Ademais, genes que codificam intermediários da via de biossíntese de carotenoides (*ABA1*, *AAO3*, *NCED3* e *PSY*) mostraram regulação positiva no genótipo CSF20 (**Figura 27; Tabelas 7e S3**), o que foi correlacionado com a manutenção dos teores de carotenoides (**Figura 6D**). Plantas CSF20 também apresentaram expressão aumentada de genes que codificam chaperonas e proteínas de choque térmico, incluindo *CHZ1*, *DNAJ8-HSP*, *HSP26.5-P* e *HSP23.6-MITO* (**Figura 48D; Tabelas 7e S3**). Essas proteínas desempenham um papel importante nas interações proteína-proteína, auxiliando na conformação proteica, estabilizando as proteínas e prevenindo a agregação indesejada de proteínas. A indução da expressão de HSPs é um dos mecanismos comuns de resposta ao calor em vários organismos (YAMADA *et al.*, 2007; YONG-FANG *et al.*, 2013; LIN *et al.*, 2014; ABDULLAH *et al.*, 2016).

Fatores de transcrição e vias de sinalização de plantas de sorgo sob altas temperaturas

Sob condições de temperatura elevada, plantas do genótipo CSF20 apresentaram uma variação massiva na expressão de genes em comparação àquelas do genótipo CSF18 (**Figura 25**). Associado a isso, plantas CSF18 regularam negativamente a expressão de inúmeros genes das vias de sinalização e resposta a hormônios vegetais (**Tabelas 7e S2**). Tal resposta em plantas CSF20 foi acompanhada pelo aumento na expressão de diversos fatores de transcrição e outras moléculas de sinalização (**Tabelas 7e S3**). Por exemplo, houve incremento na expressão de genes da via de sinalização MAPK (*MKK2* e *MKK6*) e dos fatores de transcrição *WRKY60*, *WRKY19* e *WRKY71* (**Figuras 48E e 48I; Tabelas 7e S3**). As proteínas WRKY desempenham papéis proeminentes durante a reprogramação transcricional em resposta a estresses bióticos e abióticos, promovendo interações proteína-proteína e até mesmo induzindo regulações cruzadas e/ou autoregulação (CHEN *et al.*, 2012). Esse grupo de proteínas pode modular alostericamente ou transcionalmente vias metabólicas em associação com proteínas quinases ativadas por mitógenos (MAPKs), calmodulinas, histona deacetilases e outras WRKYs (RUSHTON *et al.*, 2010).

Em sorgo, tais moléculas provavelmente participaram das respostas antioxidantes em uma via dependente de MAPK, a qual é ativada pela produção de EROs. Como demonstrado por Qu e colaboradores (2013), o aumento na expressão do gene *RBOHE* (**Figura 29; Tabelas 7e S3**) provavelmente acionou a produção de EROs para propósitos de sinalização. O sinal amplificado foi percebido e diferentes cascatas de sinalização foram ativadas (como a via MAPK) para induzir a síntese de fatores de transcrição, incluindo os WRKYs (QU *et al.*, 2013; SMÉKALOVÁ *et al.*, 2014; JALMI; SINHA, 2015). Em outras palavras, os resultados sugerem que as vias de sinalização MAPK podem ser ativadas por EROs, as quais acionam fatores de transcrição (tais como os WRKYs) que coordenam a expressão de genes relacionados a manutenção da homeostase redox. Essa via deve ter sido mais proeminente nas plantas de sorgo do genótipo CSF20, pois tais genes foram mais expressos nos tecidos das plantas CSF20 do que nas CSF18. As possíveis rotas de

defesa de plantas de sorgo ao estresse por temperatura elevada estão descritas na **Figura 50**.

Figura 50. Continua.....

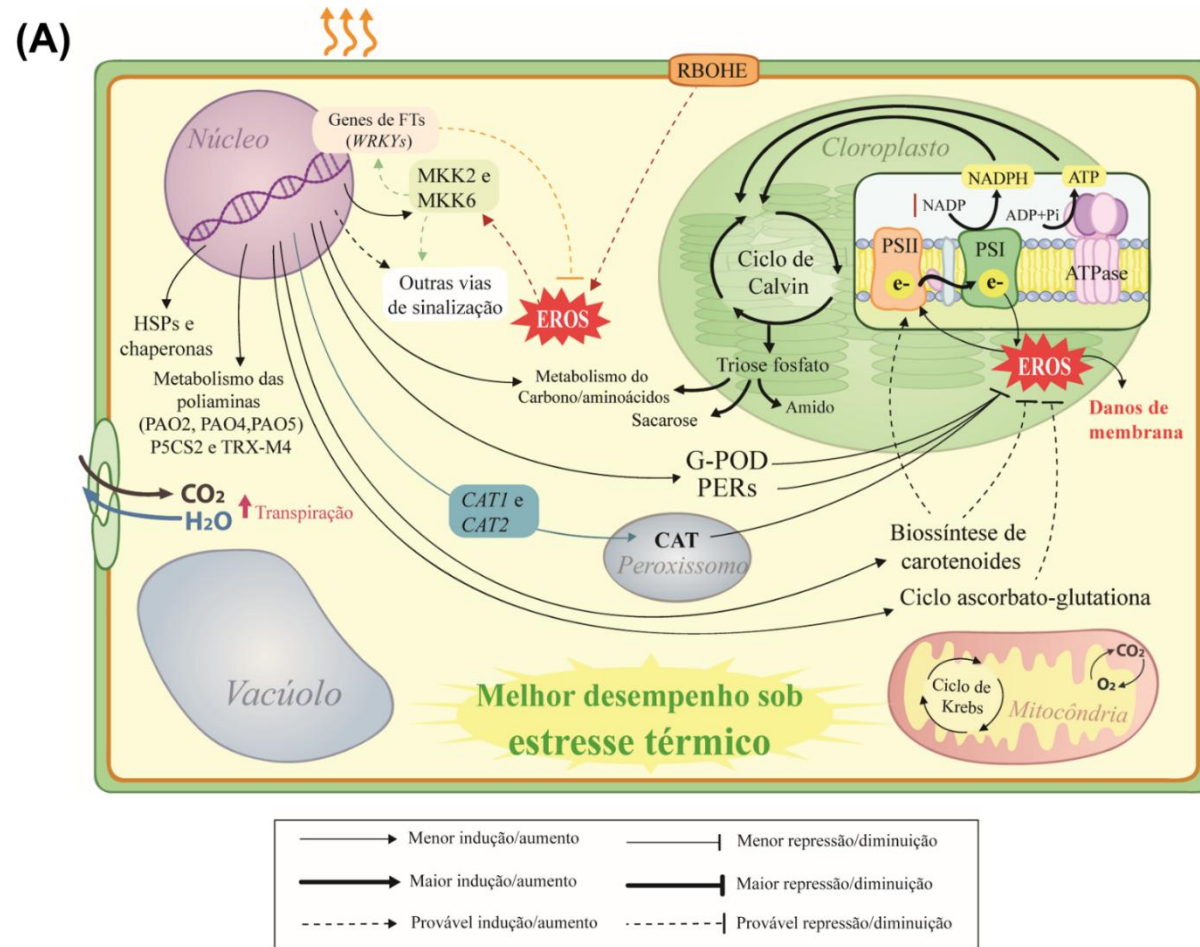
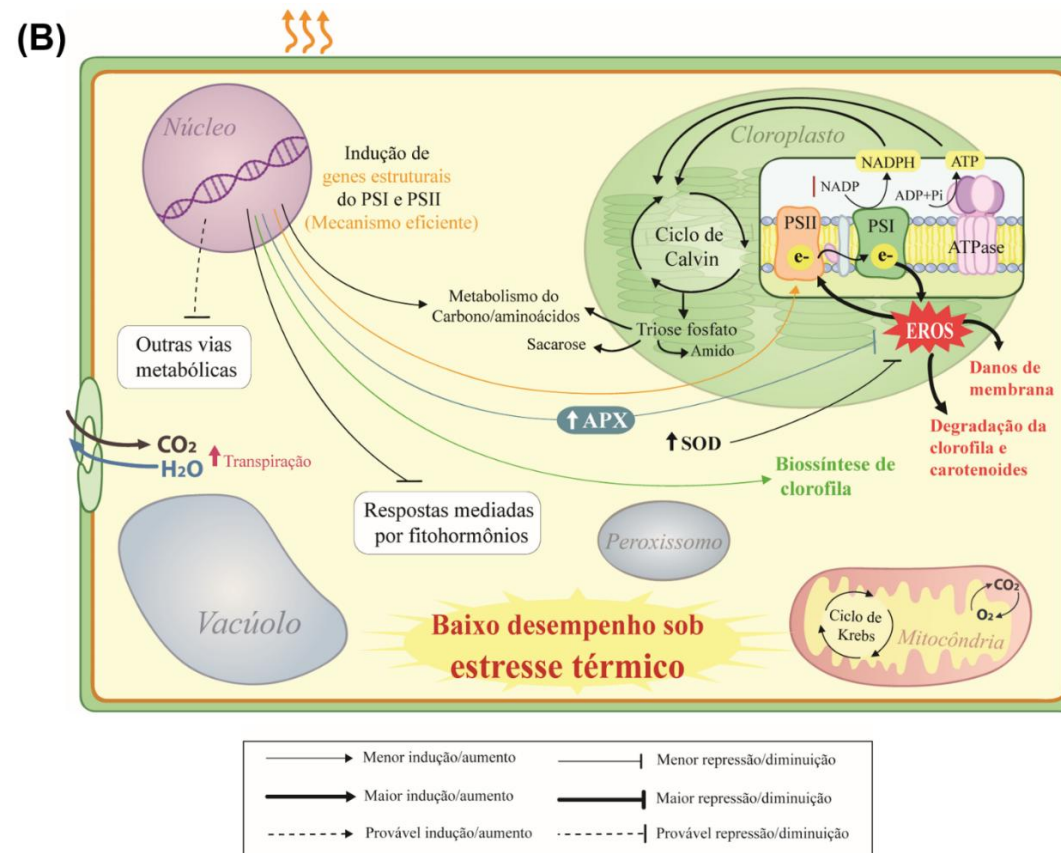


Figura 50. Modelo proposto para as vias de sinalização de plantas de dois genótipos de sorgo (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) em resposta ao estresse por temperatura elevada. **(A)** Respostas do genótipo CSF20 e **(B)** Respostas do genótipo CSF18. **Abreviaturas:** **RBOHE** - do inglês, *Respiratory burst oxidase protein E /NADPH oxidase*, **MKK2** e **MKK6** - Proteína quinase ativada por mitógenos 2 e 6, **WRKYs** - Fator de transcrição WRKY, **PAO** - Poliamina oxidase, **P5CS2** - do inglês, *Delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthase 2*, **TRX-M4** - do inglês, *Thioredoxin M-Type 4*, **PER** - Peroxidases, **CAT** - Catalase, **GPOD** - Peroxidase do guaiacol, **HSPs** - Proteínas do choque térmico, **APX** - Peroxidase do ascorbato e **SOD** - Dismutase do superóxido.



Fonte: elaborado pelo autor.

8.3 Desempenho de plantas de sorgo frente ao estresse combinado de salinidade e temperatura elevada

Os dados provenientes de plantas de sorgo expostas simultaneamente à salinidade e altas temperaturas forneceram evidências que o padrão de tolerância dos genótipos ao estresse isolado não é o mesmo para o estresse combinado. Ou seja, plantas CSF20 mostraram respostas eficientes na mitigação dos efeitos deletérios da salinidade e temperatura elevada, mas essa situação foi revertida sob condições de estresse combinado, e as respostas determinantes para um melhor desempenho frente a salinidade + temperatura elevada foram observadas em plantas CSF18. Além disso, a análise conjunta dos dados de transcriptoma e fisiologia/bioquímica revelou que as plantas CSF20 provavelmente ativaram ciclos fúteis sob condições de estresse, o que culminou na alta sensibilidade desse genótipo.

O estresse combinado afeta drasticamente a eficiência do aparato fotossintético

Ao contrário do observado para salinidade e temperatura elevada isoladamente, o desempenho fotossintético de plantas de sorgo sob estresse combinado foi mais afetado no genótipo CSF20 (**Figura 4A, B, C e D**), sendo os efeitos negativos intensificados com o tempo de exposição ao estresse. Nesse grupo de plantas, as reduções drásticas nas taxas de assimilação de CO₂ (**Figura 4A**) foram decorrentes de fatores estomáticos e não estomáticos. As causas estomáticas foram mais evidentes no primeiro tempo de análise, em que as reduções na condutância estomática (**Figura 4C**) foram concordantes com decréscimos nas concentrações de CO₂ dentro da câmara subestomática (C_i) (**Figura 4E**). Por outro lado, no genótipo CSF18 sob estresse combinado, embora a redução na condutância estomática (**Figura 4C**) tenha promovido decréscimos nas concentrações internas de CO₂ (**Figura 4E**), a quantidade de substrato estava em níveis adequados para as vias de assimilação e as taxas fotossintéticas (**Figura 4A**) foram mantidas constantes.

Já os fatores não estomáticos que limitaram a eficiência fotossintética das plantas de sorgo (**Figura 4A**), principalmente no genótipo CSF20, podem ter sido decorrentes de múltiplos eventos: (i.) danos estruturais, que podem culminar na degradação de pigmentos e dos fotossistemas e menor eficiência fotoquímica

(**Figuras 5, 6, 9, 37B, 38 e 39; Tabelas 8 e S3**); (ii.) acúmulo excessivo de Na^+ , em decorrência das altas taxas transpiratórias (após 6 horas de estresse, **Dados não mostrados**), que podem afetar as enzimas de fixação e metabolismo do carbono (**Figuras 4, 8**); (iii.) ativação massiva de vias de biossíntese que demandaram alto consumo energético, que não foi acompanhada pela produção de compostos orgânicos e moléculas energéticas, exaurindo o *pool* de carbono/energia e culminando no ciclo fútil (**Figuras 40, 41 e 42; Tabelas 8 e S3**); dentre outros.

Os danos nos pigmentos fotossintéticos das plantas CSF20 sob estresse combinado de salinidade e temperatura elevada foram refletidos na menor eficiência quântica máxima do fotossistema II (**Figuras 5B e 6**). Como consequência, ocorreram efeitos em cascata, havendo reduções na taxa de transporte de elétrons (**Figura 5E**) e dissipação fotoquímica (**Figura 5C**), resultando na menor eficiência quântica efetiva do fotossistema II (**Figura 5A**). A baixa eficiência fotoquímica provavelmente ocasionou excesso de energia nos fotossistemas, que pode ter sido empregada na geração de radicais livres em excesso, os quais promoveram danos oxidativos às membranas celulares (**Figuras 9**) (PETROV *et al.*, 2015; MITTLER, 2002; MITTLER, 2017). Essa hipótese é corroborada pela análise da relação **ETR/A**, a qual sugere que um dreno alternativo de elétrons (formação de radicais livres) estava atuante nas plantas sob estresse combinado. Resultados similares foram reportados em plantas de pinhão manso, uva e *Stevia rebaudiana* sob estresse salino, seca, altas temperaturas e elevado CO_2 (SILVA *et al.*, 2011; SALAZAR-PARRA *et al.*, 2012; HUSSIN *et al.*, 2017).

Na tentativa de manter ou reestruturar o aparato fotossintético sob estresse combinado, plantas CSF20 ativaram a expressão de diversos genes que codificam para componentes estruturais dos fotossistemas e demais pigmentos fotossintéticos (**Figuras 37B, 38 e 39; Tabelas 8 e S3**). Entretanto, os dados sugerem que as respostas não foram suficientes para reparar a extensão dos danos (pelo menos durante o período de tempo analisado), uma vez que as taxas de assimilação de CO_2 foram reduzidas drasticamente pelo estresse (**Figura 4A**).

Por outro lado, é provável que o estresse combinado tenha também ocasionado danos estruturais à maquinaria fotossintética de plantas CSF18, porém em menor intensidade (**Figura 9**); pois não houve ativação massiva na expressão de

genes estruturais (**Figura 34A e 37A**) e as taxas de assimilação de CO₂ foram maiores que às das plantas estressadas CSF20(**Figura 4A**). Além disso, plantas CSF18mostraram melhor desempenho fotoquímico sob estresse combinado, o que pode ser evidenciado pelas menores reduções nas taxas de transporte de elétrons (**Figura 5E**) e na eficiência efetiva do PSII (**Figura 5A**).

Os resultados sugerem que plantas CSF18 ativaram mecanismos mais eficientes de proteção para evitar danos oxidativos ocasionados pelo excesso de energia nos fotossistemas, como evidenciado pela maior dissipação não fotoquímica (**NPQ**) (**Figura 5D**) e leves aumentos na relação **ETR/A** (**Figura 5F**). A alta dissipação não fotoquímica foi acompanhada pela regulação positiva de genes que codificam componentes do ciclo das xantofilas (*NPQ1/violaxanthin de-epoxidase* e *ZEP* - IDs: Sb06g012950 e Sb08g001890) (**Tabelas 8 e S2**). A dissipação de energia pelo ciclo das xantofilas é crucial para evitar danos à maquinaria fotossintética, constituindo um importante mecanismo de tolerância a estresses abióticos (LATOWSKI *et al.*, 2011; ZHOU *et al.*, 2017).

De modo surpreendente, plantas estressadas CSF20 intensificaram a expressão de inúmeros genes envolvidos nas vias de fixação e metabolismo do carbono, mesmo com eficiência da maquinaria fotossintética limitada (**Figuras 4A, 5 e 40; Tabelas 8 e S3**). Ao mesmo tempo, houve ativação de genes do metabolismo do amido e sacarose (**Figura41**), principalmente aqueles destinados à degradação e mobilização de reservas para produção de glicose. O *pool* de glicose provavelmente foi empregado para produção de energia e/ou como substrato em processos biossintéticos. Evidência da utilização de glicose para fins energéticos foi o aumento severo da concentração interna de CO₂(**Ci**) na câmara subestomática (**Figuras 4E**), o qual deve ter sido oriundo do processo respiratório (BUSCH *et al.*, 2013; STUTZ *et al.*, 2017). As moléculas de glicose também podem ter sido destinadas para a síntese de outros compostos orgânicos, tais como aminoácidos, que seriam empregados nas rotas de defesa contra o estresse combinado (MIRANDA *et al.*, 2016; CURCI *et al.*, 2017). Essa ideia é apoiada pelos dados da expressão de genes, em que houve aumento no número de transcritos que codificam intermediários das vias de biossíntese de aminoácidos (**Figura42**).

O potencial de regulação da homeostase iônica e do sistema antioxidante de plantas CSF20 se torna ineficiente sob estresse combinado

Os dados dos teores de íons das folhas de sorgo mostraram que os mecanismos de controle do acúmulo de Na⁺ das plantas CSF20, que foram considerados determinantes para a tolerância ao estresse salino, são ineficazes durante a exposição simultânea a salinidade e temperatura elevada. Sob estresse combinado, o acúmulo excessivo de Na⁺ nas folhas do genótipo CSF20 foi resultado do maior transporte pelo xilema via fluxo transpiratório, principalmente após 6h de exposição ao estresse (**Dados não mostrados**). As altas concentrações de Na⁺ afetaram drasticamente a atividade de diversas enzimas (incluindo aquelas do metabolismo do carbono) e resultaram em danos oxidativos nas células (**Figuras 8B, 9 e 40**)(MUNNS; TESTER, 2008; PRISCO *et al.*, 2016). Em conjunto, esses fatores levaram ao rompimento da homeostase celular, alterando as funções fisiológicas e bioquímicas e promovendo reduções severas na eficiência do aparato fotossintético (**Figuras 4A, 5, 37Be 38**).

Em contraste, plantas CSF18 não apresentaram alta sensibilidade ao estresse combinado, resultado de uma regulação mais eficiente da homeostase iônica (menor acúmulo de Na⁺ e maior de K⁺) e da maquinaria fotossintética (**Figuras 4A, 5 e 8**). Interessantemente, a recirculação de Na⁺ (um mecanismo ineficiente para aumentar a tolerância do sorgo à salinidade) passou a ser uma via potencial para evitar o acúmulo excessivo desse íon tóxico nos tecidos fotossintetizantes. Evidências disso é que, nesse grupo de plantas sob estresse, o gene *HKT1* foi super expresso nos tecidos foliares (contagem por milhão - 550) em comparação com plantas CSF20 (contagem por milhão - 311) (**Tabela 8**).

No presente estudo, o controle da homeostase iônica foi relacionado com o incremento na expressão do gene *SOS4* (*Salt overly sensitive 4*)(ID: Sb08g020510), um fenômeno exclusivo do genótipo CSF18 sob estresse combinado (comparação SAL18 × COMB18) (**Tabelas 8e S2**). O gene *SOS4* codifica para uma piridoxalquinase, que está envolvida na biossíntese de PL-5-fosfato e pode atuar como cofator para várias enzimas e como ligante para transportadores de íons (SHI; ZHU, 2002). Evidências da participação do PL-5-fosfato na atividade de canais iônicos

foram reportadas por Shi e colaboradores (2002) em *Arabidopsis*. Os autores demonstraram que plantas nocauteadas no gene *SOS4/PL-5-fosfato* apresentaram menor retenção de K^+ , demonstrando o papel potencial do gene *SOS4* na absorção e homeostase do K^+ .

Assim como demonstrado para a homeostase iônica e fotossíntese, os danos oxidativos também foram exacerbados durante a exposição concomitante à temperatura elevada e estresse salino, principalmente nas plantas CSF20 (**Figura 9**). Curiosamente, as enzimas **CAT** e **GPOD** (**Figura 10A e C**) foram acionadas sob condições ambientais adversas, mas não limitaram os danos oxidativos nas folhas das plantas de sorgo do genótipo CSF20 (**Figura 9**).

Por outro lado, a menor extensão dos danos de membrana nas plantas do genótipo CSF18 foi reflexo da regulação mais eficiente da homeostase K^+/Na^+ nos tecidos foliares (**Figura 8**), bem como da operação do sistema antioxidante. O aumento conspícuo da atividade da **APX** (**Figura 10B**) foi acompanhado pelo incremento da expressão do gene da *APX4* (*Ascorbate peroxidase 4*) (ID: Sb06g027520) (**Tabelas 8 e S3**). Além da *APX*, os genes *CAT1* e *CAT2*, que codificam para a **CAT**, foram regulados positivamente sob estresse combinado nas folhas das plantas do genótipo CSF18 (comparação TE18 x COMB18) (**Tabelas 8 e S2**). Tais incrementos na expressão dos genes resultaram em aumentos na atividade da **CAT**, especialmente no tempo 24 h (**Figura 10A**).

Os dados de expressão gênica demonstraram que diversos genes com potencial antioxidante foram regulados positivamente no genótipo CSF18 sob estresse combinado (**Figuras 44 e 48A; Tabelas 8, S2 e S3**). Dentre eles, destacam-se os genes envolvidos com a via de biossíntese dos fenilpropanóides (*C4H*, *CAD* e *peroxidases*), que são responsáveis pela síntese de flavonoides, taninos, ésteres de hidroxicinamato e polímeros de lignina. Os flavonoides podem exercer muitas funções nos vegetais, incluindo a eliminação de EROs (GRACE; LOGAN, 2000; ZHANG *et al.*, 2017) (**Figura 9, 10 e 44; Tabelas 8 e S3**). Já o gene *CRT1* (ID: Sb01g002430), que também foi ativado nas plantas CSF18 (**Figura 48A; Tabelas 8, S2 e S3**), tem papel importante no metabolismo do cálcio (Ca^{2+}) e na ativação do sistema antioxidante de plantas submetidas a estresses ambientais (TUTEJA; MAHAJAN, 2007). Xiang e colaboradores (2015) reportaram que a inserção do gene

CRT1 de trigo em plantas de tabaco foi determinante para a atividade das enzimas antioxidantes (**SOD**, **POD** e **CAT**) e a tolerância ao estresse salino. Os autores sugeriram que o aumento na atividade das enzimas foi induzido por uma via de sinalização envolvendo Ca^{2+} e proteínas *CRT1*.

Em sorgo, a análise conjunta das alterações na expressão dos genes e atividade das enzimas, juntamente com a redução nos danos oxidativos, sugere a participação de mecanismos aditivos na ativação de vias metabólicas complexas, que são efetivas durante os processos de aclimação de plantas do genótipo CSF18 ao estresse combinado.

Vias de sinalização e rotas de defesa de plantas de sorgo submetidas ao estresse combinado

As rotas de sinalização das plantas CSF20 durante a exposição ao estresse combinado não mostraram qualquer relação com um padrão de resposta de tolerância. Em outras palavras, o sinal gerado durante o estresse parece não ter sido suficiente ou eficaz para ativar os mecanismos de aclimação. Conseqüentemente, as plantas sinalizaram para a transição da fase vegetativa para a fase reprodutiva, evidenciada pela indução dos genes *TPR*, *ABH1*, *Vps51/Vps67*, *AGL12* e *REV1* (**Figura 33A; Tabelas 8e S1**); e, finalmente, ativaram genes de senescência, incluindo o gene *SAG20*, dentre outros (**Tabelas 8, S1 e S3**).

O genótipo CSF18, por sua vez, modulou vias de sinalização que culminaram em respostas determinantes para a manutenção dos processos biológicos. Sob estresse combinado, a expressão de genes que codificam moléculas de sinalização e com potencial de defesa foi bastante estimulada. Dentre eles, destacam-se os genes *RBOHD/NADPH oxidase* (ID: Sb05g020380), *MKK6* (ID: Sb03g033190), *MPK20* (ID: Sb03g028740), *WRKY14* (ID: Sb03g033640), *WRKY19* (ID: Sb03g028290), *WRKY60* (ID: Sb04g005520), *WRKY65* (ID:), *WRKY71* (ID: Sb03g028530) (**Figura 43; Tabelas 8, S2 e S3**) (QU *et al.*, 2013; JALMI; SINHA, 2015).

Outra resposta decisiva para o melhor desempenho das plantas CSF18 frente ao estresse combinado foi a ativação de genes destinados ao controle da componente osmótico, especialmente os genes *P5CS2* (ID: Sb03g039820) e *TPS6* (ID: Sb01g042380) (**Tabelas 8, S2 e S3**), envolvidos na síntese de prolina e

trealose, respectivamente. Sob condições de estresse, prolina e trealose podem atuar como osmólitos compatíveis durante o balanço osmótico, estabilizando membranas e prevenindo danos oxidativos (HAYAT *et al.*, 2012). Além disso, a trealose pode desempenhar papel fotoprotetor, reduzindo danos ao PSII e auxiliando na manutenção da fotossíntese (RIVERO *et al.*, 2013). Em tomate, Rivero e colaboradores (2013) demonstraram que a prolina atuou como osmoprotetor sob estresse salino, e que a glicina betaina e a trealose foram determinantes para a manutenção da fotossíntese sob estresse combinado de salinidade e temperatura elevada.

Um fenômeno observado apenas nas plantas CSF18 sob estresse combinado foi a expressão do gene *E3 SUMO-protein ligase* (ID - Sb10g004465) (comparação SAL18 × COMB18) (**Tabelas 8e S2**). Este gene não apresentou qualquer valor de expressão (contagem por milhão - 0) sob salinidade, mas passou a ser expresso (induzido) quando as plantas foram expostas à salinidade e temperatura elevada simultaneamente. A proteína SUMO sinaliza para o processo de “SUMOylation”, que é um procedimento transitório e reversível envolvido na regulação da transcrição e transdução de sinal durante o ciclo celular (SCHMIDT; MÜLLER, 2003). Esse processo pode alterar a função e/ou localização celular de proteínas (GEISS-FRIEDLANDER; MELCHIOR, 2007), sendo essencial para a adaptação de plantas à estresses bióticos e abióticos (SARACCO *et al.*, 2007).

Em *Dendrobium*, o gene *DnSIZ1* (SUMO E3) foi amplamente expresso nos diferentes órgãos das plantas submetidas aos tratamentos com baixas e altas temperaturas (LIU *et al.*, 2015). De modo similar, em algodão, o gene *SUMO E3* foi determinante para as melhores respostas aos estresses por temperatura elevada e seca (MISHRA *et al.*, 2017). Em *Arabidopsis*, a superexpressão do gene *SIZ1* promoveu aumentos nas taxas fotossintéticas das plantas sob restrição hídrica, uma resposta acompanhada pela regulação positiva da expressão de uma série de genes relacionados com a biossíntese de clorofilas (CATALA *et al.*, 2007). Da mesma forma, é provável que o gene *E3 SUMO-protein ligase* tenha exercido papel fundamental nos processos de aclimação de plantas de sorgo do genótipo CSF18 ao estresse combinado. As possíveis rotas de defesa de plantas de sorgo sob estresse combinado de salinidade e temperatura elevada estão descritas na **Figura 51**.

Figura 51. Continua.....

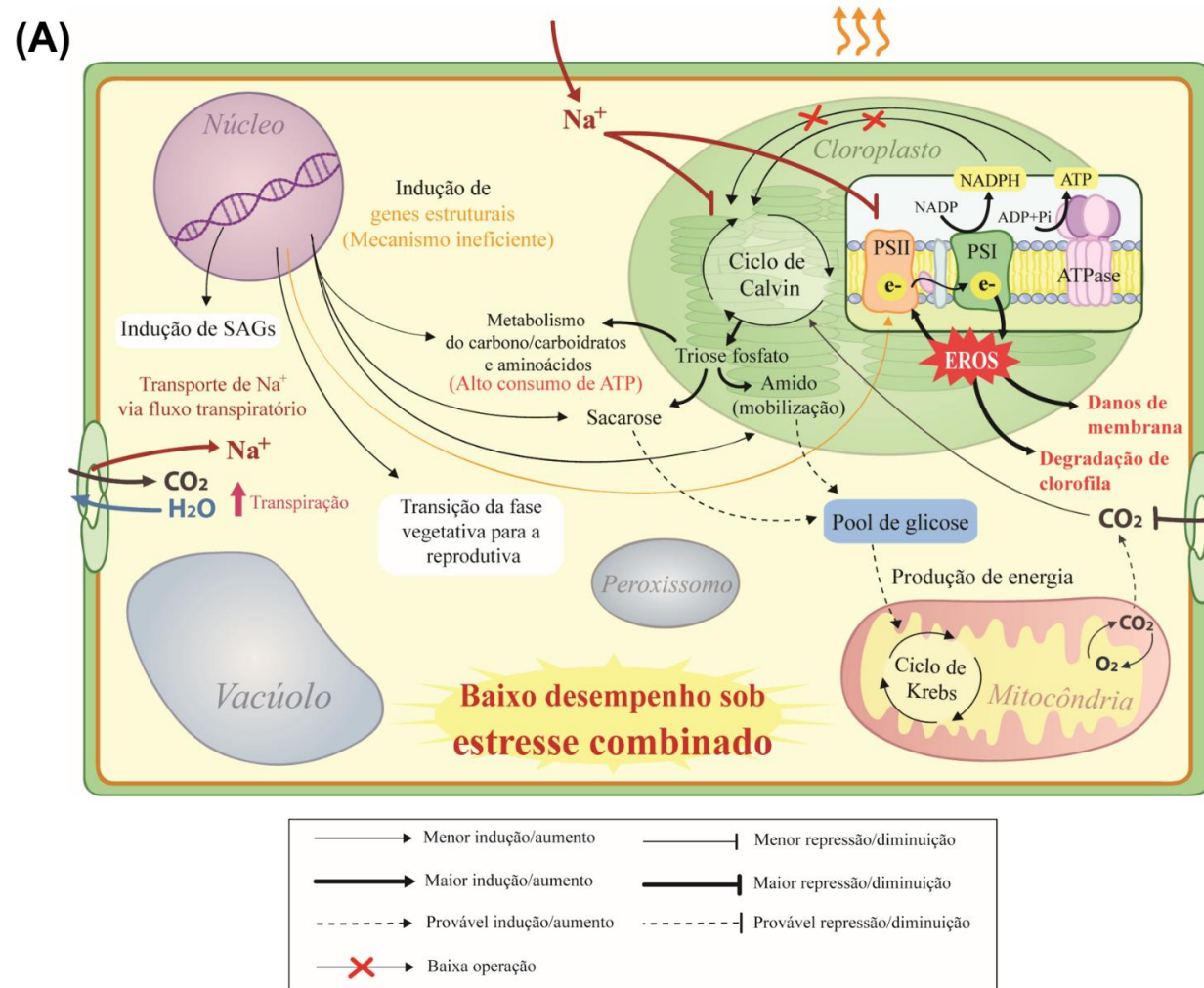
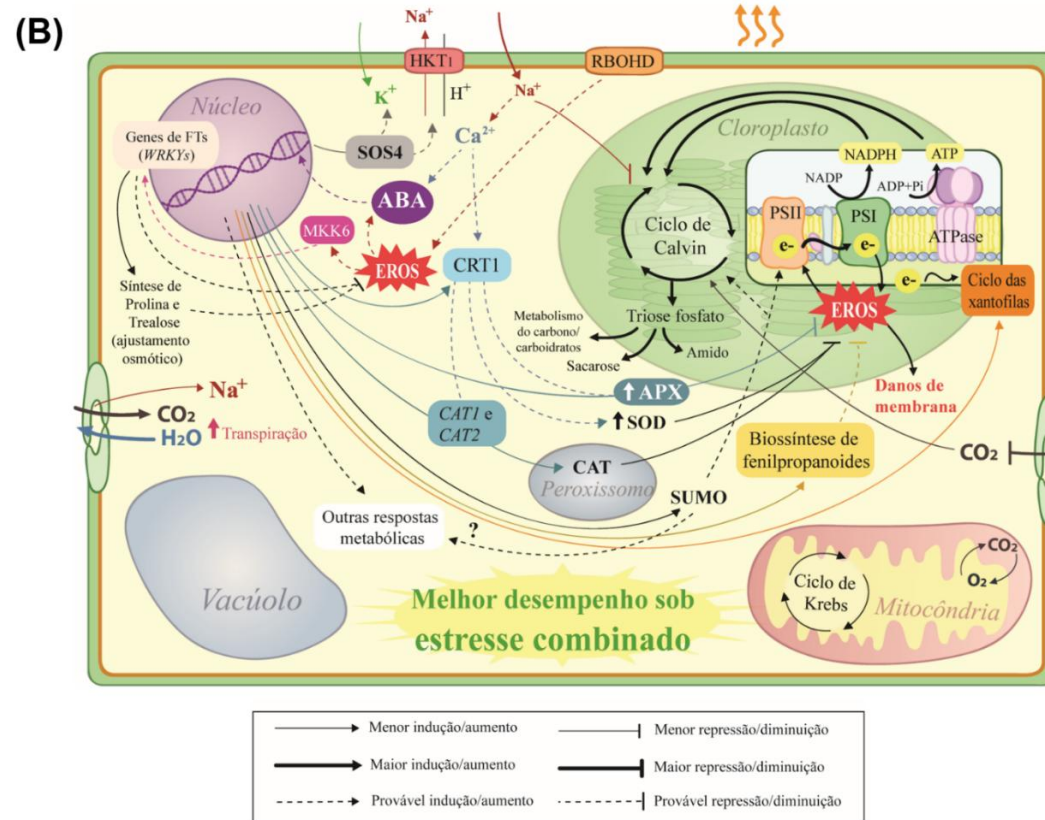


Figura 51. Modelo proposto para as vias de sinalização de plantas de dois genótipos de sorgo (*Sorghum bicolor* (L.) moench) em resposta ao estresse combinado de salinidade e temperatura elevada. **(A)** Respostas do genótipo CSF20 e **(B)** Respostas do genótipo CSF18. **Abreviaturas:** **SAGs** - genes relacionados a senescência, **SOS4** - do inglês, *salt overly sensitive 4*, **CRT1** - Calreticulina, **RBOHD** - do inglês, *Respiratory burst oxidase protein D /NADPH oxidase*, **MKK6** - Proteína quinase ativada por mitógenos 6, **WRKYs** - Fator de transcrição WRKY, **PAO** - Poliamina oxidase, **P5CS2** - do inglês, *Delta 1-pyrroline-5-carboxylate synthase 2*, **TRX-M4** – do inglês, *Thioredoxin M-Type 4*, **PER** - Peroxidases, **CAT** - Catalase, **GPOD** - Peroxidase do guaiacol, **APX** - Peroxidase do ascorbato e **SOD** - Dismutase do superóxido e **HKT1** - Transportador de alta afinidade do íon K^+ .



Fonte: elaborado pelo autor.

9 CONSIDERAÇÕES FINAIS E PERSPECTIVAS FUTURAS

Os dados obtidos permitem concluir que a tolerância de plantas de sorgo aos estresses de salinidade e temperatura elevada varia dependendo do genótipo e da interação entre os estresses. Plantas do genótipo CSF20 apresentam melhor desempenho sob condições de estresse isolado, tanto salino quanto temperatura elevada. Essa situação é invertida sob estresse combinado (salinidade + temperatura elevada), pois as plantas mostram alta sensibilidade e desencadeiam processos de transição da fase vegetativa para reprodutiva e sinalizam senescência.

A tolerância/susceptibilidade ao estresse salino depende da capacidade das plantas de reestabelecer a homeostase iônica e redox, e prevenir/restaurar danos ao aparato fotossintético. Essas alterações são decorrentes de uma intrincada rede de respostas incluindo moléculas de sinalização e transdução de sinais, principalmente o ABA, fatores de transcrição e genes relacionados a diversos processos metabólicos.

Plantas do genótipo CSF20 apresentam melhores respostas sob temperaturas elevadas, resultado de um eficiente sistema antioxidante e de sinalização (genes *MAPK*, *RBOHD*, *WRKYs* e H_2O_2).

Os mecanismos de tolerância à salinidade e temperatura elevada se tornam ineficientes quando plantas CSF20 são expostas a combinação desses estresses. Em outras palavras, as respostas cruciais para o reestabelecimento da homeostase iônica e redox e eficiência do aparato fotossintético não mitigam os efeitos tóxicos dos estresses combinados.

Esses resultados fornecem informações valiosas para programas de melhoramento genético, pois indicam genes potenciais. Dentre eles, merecem destaque os genes *DEAD-box*, *SOS4*, *SUMO* e genes das vias de sinalização da *MAPK* e ABA. Contudo, mais estudos devem ser direcionados para o entendimento dos mecanismos de tolerância de plantas de sorgo aos estresses de salinidade e temperatura elevada; em especial, a elucidação de vias metabólicas compostas por genes que foram induzidos especificamente em uma dada condição de estresse, mas que ainda não possuem função conhecida. Tais estudos constituem uma opção promissora para aumentar a produtividade das culturas em ambientes com condições estressantes.

REFERÊNCIAS

- ABDELGAWAD, H.; ZINTA, G.; HEGAB, M. M.; PANDEY, R.; ASARD, H.; ABUELSOUD, W. (2016) High salinity induces different oxidative stress and antioxidant responses in maize seedlings organs. **Front. Plant Sci.**, 7:276, 2016.
- ABDULLAH, Y.; OBAID, J. S. M.; SABIR, A. A.; XUAN, LIU.; SHERIF, EDRIS.; FOTOUH, M. E.; DOMYATI, M. Z. M.; NOUR, O. G.; NAHID, H. H.; MAGDY, A. A-K.; NEIL, H.; AHMED, B.; ROBERT, K. J. Analysis of transcriptional response to heat stress in *Rhazya stricta*. **BMC Plant Biol.**, 16:252, 2016.
- ACEVEDO, E.; SILVA, P.; SILVA, H. Wheat growth and physiology. **In: Curtis, B. C., S. Rajaram and H. G. Macpherson (Eds.)** Bread wheat improvement and production, fao plant production and protection series, No. 30. Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome, Italy, 2002.
- ACOSTA-MOTOS, J. R.; ORTUÑO, M. F.; BERNAL-VICENTE, A.; DIAZ-VIVANCOS, P.; SANCHEZ-BLANCO, M. J.; HERNANDEZ, J. A. Plant responses to salt stress: adaptive mechanisms. **Agronomy**, 7: 18, 2017.
- AGARWAL, P. K.; AGARWAL, P.; REDDY, M. K.; SOPORY, S. K. Role of *DREB* transcription factors in abiotic and biotic stress tolerance in plants. **Plant Cell Rep.**, v. 25, p. 1263-1274, 2006.
- AGATI, G.; AZZARELLO, E.; POLLASTRI, S.; TATTINI, M. Flavonoids as antioxidants in plants: location and functional significance. **Plant Sci.**, v. 196, p. 67-76, 2012.
- AGRAWAL, G. K.; RAKWAL, R.; IWAHASHI, H. Isolation of novel rice (*Oryza sativa* L.) multiple stress responsive MAP kinase gene, OsMSRMK2, whose mRNA accumulates rapidly in response to environmental cues. **Biochem. Biophys. Res. Commun.**, v. 294, p. 1009-1016, 2002.
- AHMAD, P.; LATEF, A. A. A.; HASHEM, A.; ALLAH, E. F. A.; GUCEL, S.; TRAN, L-S. P. Nitric oxide mitigates salt stress by regulating levels of osmolytes and antioxidant enzymes in Chickpea. **Front. Plant Sci.**, 7: 347, 2016.
- ALLAKHVERDIEV, S. I.; KRESLAVSKI, V. D.; KLIMOV, V. V.; LOS, D. A.; CARPENTIER, R.; MOHANTY, P. Heat stress: an overview of molecular responses in photosynthesis. **Photosynth. Res.**, v. 98, p. 541-50, 2008.
- ALMESELMANI, M.; DESHMUKH, P. S.; SAIRAM, R. K.; KUSHWAHA, S. R.; SINGH, T. P. 2006. Protective role of antioxidant enzymes under high temperature stress. **Plant Sci.**, v. 171, p. 382-388, 2006.
- ALTSCHUL, S. F.; MADDEN, T. L.; SCHÄFFER, A. A.; ZHANGE, J.; ZHANGE, Z.; MILLER, W.; LIPMAN, D. J. Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation of protein database search programs. **Nucleic Acids Res.**, v. 25, p. 389-402, 1997.
- ANDREWS, S. (2010). FastQC: a quality control tool for high throughput sequence data. Disponível em: < <http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc>> Acesso em 29/11/2016.
- ANJUM, F.; WAHID, A.; JAVED, F.; ARSHAD, M. Influence of foliar applied thiourea on flag leaf gas exchange and yield parameters of bread wheat (*Triticum aestivum*)

cultivars under salinity and heat stresses. **Int. J. Agric. Biol.**, v. 10, p. 619-626, 2008.

ASSAHA, D. V. M.; UEDA, A.; SANEOKA, H.; AL-YAHYAI, R.; YAISH, M. W. The role of Na⁺ and K⁺ transporters in salt stress adaptation in glycophytes. **Front. Physiol.**, 8:509, 2017.

ASTHIR, B. Protective mechanisms of heat tolerance in crop plants. **J. Plant Interac.**, v. 10, p. 202-210, 2015.

AZEVEDO NETO, A. D.; PRISCO, J. T.; ENÉAS-FILHO, J.; ABREU, C. E. B. D.; GOMES-FILHO, E. Effect of salt stress on antioxidative enzymes and lipid peroxidation in leaves and roots of salt-tolerant and salt-sensitive maize genotypes. **Environ. Exp. Bot.**, v. 56, p. 87-94, 2006.

BABU, N.; DEVARAJ, R. V. R. High temperature and salt stress response in Frenchbean (*Phaseolus vulgaris*). **Aust. J. of Crop Sci.**, v. 2 p. 40-48, 2008.

BAKER, N. R.; HARBINSON, J.; KRAMER, D. M. Determining the limitations and regulation of photosynthetic energy transduction in leaves. **Plant Cell Environ.**, v. 30, p. 1107-1125, 2007.

BARNABÁS, B.; JÄGER, K.; FEHÉR, A. The effect of drought and heat stress on reproductive processes in cereals. **Plant Cell Environ.**, v. 31, p. 11-38, 2008.

BEERS JUNIOR, R. F.; SIZER, I. W. A spectrophotometric method for measuring the breakdown of hydrogen peroxidase by catalase. **J. Bio. Chem.**, v. 195, p. 133-140, 1952.

BITA, C. E.; GERATS, T. Plant tolerance to high temperature in a changing environment: scientific fundamentals and production of heat stress-tolerant crops. **Front. Plant Sci.**, 4:273, 2013.

BLANCO, F. A.; ZANETTI, M. E.; CASALONGUÉ, C. A.; DALEO, G. R. Molecular characterization of a potato MAP kinase transcriptionally regulated by multiple environmental stresses. **Plant Physiol. Biochem.**, v. 44, p. 315-22, 2006.

BOHNERT, H. J.; GONG, Q. Q.; LI, P. H.; MA, S. S. Unraveling abiotic stress tolerance mechanisms – getting genomics going. **Curr. Opin. Plant Biol.**, v. 9, p. 180-188, 2006.

BOKSZCZANIN, K. L.; FRAGKOSTEFANAKIS, S. Perspectives on deciphering mechanisms underlying plant heat stress response and thermotolerance. **Front. Plant Sci.**, v. 4, p. 315-335. 2013.

BOLGER, A. M.; LOHSE, M.; USADEL, B. Trimmomatic: A flexible trimmer for illumina sequence data. **Bioinformatics**, v. 30, p. 2114-2120, 2014.

BRADFORD, M. M. A rapid and sensitive method for the quantification of microgram quantities for proteins utilizing the principle of protein-dye binding. **Anal. Biochem.**, v.72, p. 248-254, 1976.

BUSCH, F. A.; SAGE, T. L.; COUSINS, A. B.; SAGE, R. F. C3 plants enhance rates of photosynthesis by reassimilating photorespired and respired CO₂. **Plant Cell Environ.**, v. 36, p. 200-212, 2013.

CAJÁNEK, M.; ŠTROCH, M.; LACHETOVÁ, I.; KALINA, J.; SPUNDA, V. Characterization of the photosystem II inactivation of heat-stressed barley leaves as

monitored by the various parameters of chlorophyll a fluorescence and delayed fluorescence. **J. Photochem. Photobiol. B.**, v. 7, p. 39-45, 1998.

CATALA, R.; OUYANG, J.; ABREU, I. A.; HU, Y.; SEO, H.; ZHANG, X.; CHUA, N. H. The Arabidopsis E3 SUMO ligase SIZ1 regulates plant growth and drought responses. **Plant Cell**, v. 19, p. 2952-2966, 2007.

CHAKRABORTY, U.; PRADHAN, D. High temperature-induced oxidative stress in *Lens culinaris*, role of antioxidants and amelioration of stress by chemical pre-treatments. **J. Plant Interact.**, v. 6, p. 43-52, 2011.

CHEN, J.; ZHANG, J.; HU, J.; XIONG, WENWEI.; DU, C.; LU, M. Integrated regulatory network reveals the early salt tolerance mechanism of *Populus euphratica*. **Sci. Rep.**, 7: 6769, 2017.

CHEN, L.; SONG, Y.; LI, S.; ZHANG, L.; ZOU, C.; YU, D. The role of *WRKY* transcription factors in plant abiotic stresses. **BBA-Gene Regul. Mech.**, v. 1819 p. 120-128, 2012.

CHEN, N.; SU, M.; CHI, X. et al. Transcriptome analysis reveals salt-stress-regulated biological processes and key pathways in roots of peanut (*Arachis hypogaea* L.). **Genes Genom.**, v. 38, p. 493-507, 2016.

COLCOMBET, J.; HIRT, H. *Arabidopsis* MAPKs: a complex signalling network involved in multiple biological processes. **Biochem. J.**, v. 413, p. 217-226. 2008.

CONESA, A., MADRIGAL, P., TARAZONA, S., GOMEZ-CABRERO, D., CERVERA, A., MCPHERSON, A., SZCZEŚNIAK, M.W., GAFFNEY, D.J., ELO, L.L., ZHANG, X., MORTAZAVI, A. A survey of best practices for RNA-seq data analysis. **Genome Biol.**, 17:13, 2016.

COPPEL, R. L.; BLACK, C.G. Parasite genomes. **Int. J. Parasitol.**, v. 35, p. 465-479, 2005.

CORDIN, O.; BANROQUES, J.; TANNER, N. K.; LINDER, P. The DEAD-box protein family of RNA helicases. **Gene**, v. 15, p. 17-37, 2006.

CORRÊA, L. G.; RIAÑO-PACHÓN, D. M.; SCHRAGO, C. G.; DOS SANTOS, R. V.; MUELLER-ROEBER, B.; VINCENTZ, M. The role of *bZIP* transcription factors in green plant evolution: adaptive features emerging from four founder genes. **PLoS ONE**, 3:e2944, 2008.

COSTA, P. H. A.; NETO, A. D. A.; BEZERRA, M. A.; PRISCO, J. T.; GOMES-FILHO, E. Antioxidant-enzymatic system of two *Sorghum* genotypes differing in salt tolerance. **Braz. J. Plant Physiol.**, v. 17, p. 353-361, 2005.

CRAIG PLETT, D.; MØLLER, I. S. Na⁺ transport in glycophytic plants: what we know and would like to know. **Plant Cell Environ.**, v. 33, p. 612-626, 2010.

CRAWFORD, A. J.; MCLACHLAN, D. H.; HETHERINGTON, A. M.; FRANKLIN, K. A. High temperature exposure increases plant cooling capacity. **Curr. Biol.**, v. 22, p. R396-R397, 2012.

CURCI, P. L.; CIGLIANO, R. A.; ZULUAGA, D. L.; JANNI, M.; SANSEVERINO, W.; SONNANTE, G. Transcriptomic response of durum wheat to nitrogen starvation. **Sci. Rep.**, 7:1176, 2017.

- CUTLER, S. R.; RODRIGUEZ, P. L.; FINKELSTEIN, R. R.; ABRAMS, S. R. Abscisic acid: emergence of a core signaling network. **Annu. Rev. Plant Biol.**, v. 61, p. 651-679, 2010.
- DEWALD, D. B.; TORABINEJAD, J.; JONES, C. A.; SHOPE, J. C.; CANGELOSI, A. R.; THOMPSON, J. E.; PRESTWICH, G. D.; HAMA, H. Rapid accumulation of phosphatidylinositol 4,5-bisphosphate and inositol 1,4,5-trisphosphate correlates with calcium mobilization in salt-stressed *Arabidopsis*. **Plant Physiol.**, v. 126, p. 759-769, 2001.
- DEYHOLOS, M. K. Making the most of drought and salinity transcriptomics. **Plant Cell Environ.**, v. 33, p. 648-654, 2010.
- DINIZ, G. M. M. **Produção de Sorgo (*Sorghum bicolor* L. Moench Aspectos Gerais**. 2010, 97 f. Dissertação (Mestrado em melhoramento genético de plantas) – Centro de Ciências agrárias, Universidade Federal Rural de Pernambuco, Recife, 2010.
- DJANAGUIRAMAN, M.; PRASAD P. V. V. Effects of salinity on ion transport, water relations and oxidative damage. **In: Ahmad, P., Azooz, M.M., Prasad, M.N.V. (Eds.) Ecophysiology and responses of plants under salt stress**. Springer New York. p.89-114, 2013.
- DUGAS, D. V.; MONACO, M. K.; OLSEN, A.; KLEIN, R. R.; KUMARI, S.; WARE D.; KLEIN, P. E. Functional annotation of the transcriptome of *Sorghum bicolor* in response to osmotic stress and abscisic acid. **BMC Genomics**, 12:514, 2011.
- DUTRA, A. T. B.; SILVA, E. N.; RODRIGUES, C. R. F.; VIEIRA, S. A.; ARAGÃO, R. M.; SILVEIRA, J. A. G. Temperaturas elevadas afetam a distribuição de íons em plantas de feijão caupi pré-tratadas com NaCl. **Rev. Bras. Eng. Agrí. Amb.**, v.15, p.403-409, 2011.
- EL-SAYED, N. M.; MYLER, P. J.; BARTHOLOMEU, D. C.; NILSSON, D.; AGGARWAL, G.; TRAN, A. N.; GHEDIN, E. et al. The genome sequence of *Trypanosoma cruzi*, etiologic agent of Chagas disease. **Science**, v. 309, p. 409-415, 2005.
- EMBRAPA MILHO E SORGO. Disponível em:<
https://www.spo.cnptia.embrapa.br/conteudo?p_p_id=conteudoportlet_WAR_sistema_sdeproducao16_1ga1ceportlet&p_p_lifecycle=0&p_p_state=normal&p_p_mode=view&p_p_col_id=column-1&p_p_col_count=1&p_r_p_-76293187_sistemaProducaoId=8301&p_r_p_-996514994_topicId=9213>. Acesso em 06/06/2017.
- FAO, 20 things to know about the impact of salt water on agricultural land in each province. – Field guide on salinity in aceh province - draft publication. **Food and Agricultural Organization of the United Nations**, Rome, Italy, 2005
- FAO, Global soil status, processes and trends, In: **Status of the world's soil resources (SWRS)** - Main report, Rome, Italy, 2015
- FARALLI, M.; LEKTEMUR, C.; ROSELLINI, D.; GÜREL, F. Effects of heat shock and salinity on barley growth and stress-related gene transcription. **Biol. Plant.**, v. 59, p. 537-546, 2015.

- FENG, B.; LIU, P.; LI, G.; DONG, S. T.; WANG, F. H.; KONG, L. A.; ZHANG, J. W. Effect of heat stress on the photosynthetic characteristics in flag leaves at the grain-filling stage of different heat-resistant winter wheat varieties. **Agro.CropSci.**, v. 200, p. 143-155, 2014.
- FENG, C.; CHEN, M.; XU, C-J.; BAI, L.; YIN, X-R.; LI, X.; ALLAN, A. C. et al. Transcriptomic analysis of chinese bayberry (*Myrica rubra*) fruit development and ripening using RNA-Seq. **BMC Genomics**, 13:19, 2012.
- FERREIRA, D. F. Sisvar. Versão 5.6. Lavras: UFLA/DEX, 2015. Disponível em: < <http://www.dex.ufla.br/~danielff/programas/sisvar.html>>. Acesso em: 12/10/2016.
- FERREIRA-SILVA, S. L.; SILVEIRA, J. A. G.; VOIGT, E. L.; SOARES, L. S. P.; VIÉGAS, R. A. Changes in physiological indicators associated with salt tolerance in two contrasting cashew rootstocks. **Braz. J. Plant Physiol.**, v. 20, p. 51-59, 2008.
- FERREIRA-SILVA, S. L.; VOIGT, E. L.; SILVA E. N.; MAIA J. M.; FONTENELE, A. V.; SILVEIRA, J. A. G. High temperature positively modulates oxidative protection in salt-stressed cashew plants. **Environ. Exp. Bot.**, v. 74, p. 162-170, 2011.
- FINI, A.; BRUNETTI, C.; DI FERDINANDO, M.; FERRINI, F.; TATTINI, M. Stress-induced flavonoid biosynthesis and the antioxidant machinery of plants. **Plant Signal. Behav.**, v. 6, 709-711, 2011.
- FLEISCHMANN, R. D.; ADAMS, M. D.; WHITE, O.; CLAYTON, R. A.; KIRKNESS, E. F.; KERLAVAGE, A. R.; BULT, C. J. et al. Whole-genome random sequencing and assembly of *Haemophilus influenzae* Rd. **Science**, v. 269, p. 496-512, 1995.
- GADELHA, C. G.; MIRANDA, R. S.; ALENCAR, N. L. M.; COSTA, J. H.; PRISCO, J. T.; GOMES-FILHO, E. Exogenous nitric oxide improves salt tolerance during establishment of *Jatropha curcas* seedlings by ameliorating oxidative damage and toxic ion accumulation. **J. Plant Physiol.**, v. 212, p. 69-79, 2017.
- GEISS-FRIEDLANDER, R.; MELCHIOR, F. Concepts in sumoylation: a decade on. **Nat. Rev. Mol. Cell Bio.**, v. 8, p. 947-956, 2007.
- GEORGIEVA, K.; SZIGETI, Z.; SARVARI, E.; GASPARI, L.; MASLENKOVA, L.; PEEVA, V.; PELI, E.; TUBA, Z. Photosynthetic activity of homoiochlorophyllous desiccation tolerant plant *Haberlea rhodopensis* during dehydration and rehydration. **Planta**, v. 225, p. 955-964, 2007.
- GIANNOPOLITIS, C. N.; REIS, S. K. Superoxide dismutase I. Occurrence in higher plants. **Plant Physiol.**, v. 59, p. 309-314, 1997.
- GILL, S. S.; TAJRISHI, M.; MADAN, M.; TUTEJA, N. A DESD-box helicase functions in salinity stress tolerance by improving photosynthesis and antioxidant machinery in rice (*Oryza sativa* L. cv. PB1). **Plant Mol. Biol.**, v. 82, p. 1-22, 2013.
- GOFFEAU, A.; AERT, R.; AGOSTINI-CARBONE, M. L.; AHMED, A.; AIGLE, M.; ALBERGHINA, A. K.; ALBERS, M. et al. The yeast genome directory. **Nature**, v. 387, p. 05-73, 1997.
- GOODWIN, S.; MC PHERSON, J. D.; MC COMBIE W. R. Coming of age: ten years of next-generation sequencing technologies. **Nat.Ver. Genet.**, v. 17, p. 333-351, 2016.

- GOSAVI, G. U.; JADHAV, A. S.; KALE, A. A.; GADAKH, S. R.; PAWAR, B. D.; CHIMOTE, V. P. Effect of heat stress on proline, chlorophyll content, heat shock proteins and antioxidant enzyme activity in Sorghum (*Sorghum bicolor*) at seedlings stage. **Indian J. Biotechnol.**, v. 13, p. 356-363, 2014.
- GRACE, S. C.; LOGAN, B. A. Energy dissipation and radical scavenging by the plant phenylpropanoid pathway. **Philos Trans. R. Soc. Lond. B. Biol. Sci.**, v. 355, p. 1499-1510, 2000
- GUAN, Z.; FENG, Y.; SONG, A.; SHI, X.; MAO, Y.; CHEN, S. Expression profiling of *Chrysanthemum crassum* under salinity stress and the initiation of morphological changes. **PLoS ONE**, 12(4): e0175972, 2017.
- GUPTA, N. K.; AGARWAL, S.; AGARWAL, V. P.; NATHAWAT, N. S.; GUPTA, S.; SINGH, G. Effect of short-term heat stress on growth, physiology and antioxidative defence system in wheat seedlings. **Acta Physiol. Plant**, v. 35, p.1837-1842, 2013.
- HAJRAH, N. H.; OBAID, A. Y.; ATEF, A.; RAMADAN, A. M.; ARASAPPAN, D.; NELSON, C. A. et al. Transcriptomic analysis of salt stress responsive genes in *Rhazya stricta*. **PLoS ONE**, 12:e0177589, 2017.
- HALFTER, U.; ISHITANI, M.; ZHU, J. K. The *Arabidopsis* SOS2 protein kinase physically interacts with and is activated by the calcium-binding protein SOS3. **Proc. Natl Acad. Sci. U S A**, v. 97, p. 3735-3740, 2000.
- HAMEED, A.; GOHER, M.; IQBAL, N. Heat stress-induced cell death, changes in antioxidants, lipid peroxidation and protease activity in wheat leaves. **J. Plant Growth Regul.**, v. 31, p. 283-291, 2012.
- HARSH, A.; SHARMA, Y. K.; JOSHI, U.; RAMPURIA, S.; SINGH, G.; KUMAR, S.; SHARMA, R. Effect of short-term heat stress on total sugars, proline and some antioxidant enzymes in moth bean (*Vigna aconitifolia*). **Ann. Agric. Sci.**, v. 61, p. 57-64, 2016.
- HASANUZZAMAN, M.; NAHAR, K.; FUJITA, M. Extreme temperatures, oxidative stress and antioxidant defense in plants. In: **Abiotic Stress-Plant Responses and Applications in Agriculture**. Vahdati K, Leslie C, Eds. In Tech: Rijeka, Croatia. p. 169-205, 2013.
- HAYAT, S.; HAYAT, Q.; ALYEMENI, M. N.; WANI A. S.; PICHTEL, J.; AHMAD, A. Role of proline under changing environments. **Plant Signal Behav.**, v. 7, p. 1456-1466, 2012.
- HEATH, R. L.; PACKER, L. Photoperoxidation in isolated chloroplasts. I. Kinetics and stoichiometry of fatty acid peroxidation. **Arch. Biochem. Biophys.**, v. 125, p. 189-198, 1968.
- HELLEMANS, J.; MORTIER, G.; PAEPE, A.; SPELEMAN, F.; VANDESOMPELE, J. qBase relative quantification framework and software for management and automated analysis of real-time quantitative PCR data. **Genome Biol.**, 8:R19, 2007.
- HEMANTARANJAN, A.; NISHANT BHANU, A.; SINGH, M. N.; YADAV, D. K.; PATEL, P. K. Heat stress responses and thermotolerance. **Adv. Plant Agric. Res.**, v. 1, p. 1-10, 2014.
- HEYNE, E. G.; BRUNSON, A. M. Genetic studies of heat and drought tolerance in maize. **Amer. Soc. Agron.**, v. 32, p. 803-814, 1940.

HISABORI, T.; MOTOHASHI, K.; HOSOYA-MATSUDA, N.; UEOKA-NAKANISHI, H.; ROMANO, P. G. N. (2007). Towards a functional dissection of thioredoxin networks in plant cells. **Photochem. Photobiol.**, v. 83, p. 145-151, 2007.

HOAGLAND, D.; ARNON, D. I. The water culture method for growing plants without soil. **Cal. Agric. Exp. Sta. Circ.**, v. 347, p. 32, 1950.

HODGES, D. M.; DELONG, J. M.; FORNEY, C. F.; PRANGE, R. K. Improving the thiobarbituric acid-reactive-substances assay for estimating lipid peroxidation in plant tissues containing anthocyanin and other interfering compounds. **Planta**. v. 207, p. 604-611, 1999.

HOEIJMAKERS, W. A.; BÁRTFAI, R.; STUNNENBERG, H. G. Transcriptome analysis using RNA-Seq. **Methods Mol. Biol.**, v. 923, p. 221-39, 2013.

HRDLICKOVA, R.; TOLOUE, M.; TIAN, B. RNA-Seq methods for transcriptome analysis. **WIREs RNA**, 8:e1364, 2017.

HU, W.; DING, Z.; TIE, W.; YAN, Y.; LIU, Y.; WU, C.; LIU, J.; WANG, J.; PENG, M.; XU, B.; JIN, Z. Comparative physiological and transcriptomic analyses provide integrated insight into osmotic, cold, and salt stress tolerance mechanisms in banana. **Sci. Rep.**, 7:43007, 2017.

HUANG, X.; YANG, L.; JIN, Y.; LIN, J.; LIU, F. Generation, annotation, and analysis of a large-scale expressed sequence tag library from *Arabidopsis pumilato* explore salt-responsive genes. **Front. Plant Sci.**, 8:955, 2017.

HUDA, K. M.; BANU, M. S.; TUTEJA, R.; TUTEJA, N. Global calcium transducer P-type Ca²⁺-ATPases open new avenues for agriculture by regulating stress signalling. **J. Exp. Bot.**, v.64, p. 3099-3109, 2013.

HUERTAS, R.; OLÍAS, R.; ELJAKAOUI, Z.; GÁLVEZ, F.J.; LI, J.; DE MORALES, P.A.; BELVER, A. et al. Overexpression of SISOS2 (*SICIPK24*) confers salt tolerance to transgenic tomato. **Plant Cell Environ.**, v. 5, p. 1467-1482, 2012.

HUSSAIN, I.; ASHRAF, M. A.; RASHEED, R.; IQBAL, M.; IBRAHIM, M.; ASHRAF, S. Heat shock increases oxidative stress to modulate growth and physico-chemical attributes in diverse maize cultivars. **Int. Agrophys.**, v. 30, p. 519-531, 2016.

HUSSIN, S.; GEISLER, N.; EL-FAR, M. M. M.; KOYRO, H. W. Effects of salinity and short-term elevated atmospheric CO₂ on the chemical equilibrium between CO₂ fixation and photosynthetic electron transport of *Stevia rebaudiana* Bertoni. **Plant Physiol. Biochem.**, v. 118, p. 178-186, 2017.

IBGE, Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Disponível em <http://sna.agr.br/ibge-preve-safra-161-maior-para-2017/>. Acesso em 06/06/2017.

IPCC, 2013: **Climate Change 2013: The physical science basis**. contribution of working group I to the fifth assessment report of the intergovernmental panel on climate change [Stocker, T.F., D. Qin, G.-K. Plattner, M. Tignor, S.K. Allen, J. Boschung, A. Nauels, Y. Xia, V. Bex and P.M. Midgley (eds.)]. Cambridge University Press, Cambridge, United Kingdom and New York, NY, USA, 1535, 2013.

IQBAL, M.; RAJA, N. I.; YASMEEN, F.; HUSSAIN, M.; EJAZ, M. et al. Impacts of heat stress on wheat: A critical review. **Adv. Crop Sci. Tech.**, 5:251, 2017.

- IZUMI, M.; TSUNODA, H.; SUZUKI, Y.; MAKINO, A.; ISHIDA, H. *RBCS1A* and *RBCS3B*, two major members within the *ArabidopsisRBCS* multigene family, function to yield sufficient Rubisco content for leaf photosynthetic capacity. **J. Exp. Bot.**, v. 63, p. 2159-2170, 2012.
- JAGTAP, V.; BHARGAVA, S.; STREB, P.; FEIERABEND, J. Comparative effect of water, heat and light stresses on photosynthetic reactions in *Sorghum bicolor* (L.) Moench. **J. Exp. Bot.**, v. 49, p. 1715-1721, 1998.
- JALMI, S. K.; SINHA, A. K. ROS mediated MAPK signaling in abiotic and biotic stress- striking similarities and differences. **Front. Plant Sci.**, 6:769, 2015.
- JI, H.; PARDO, J. M.; BATELLI, G.; VAN OOSTEN, M. J.; BRESSAN, R. A.; LI, X. The Salt Overly Sensitive (SOS) pathway: established and emerging roles. **Mol. Plant.**, v. 6, p. 275-286, 2013.
- JIANG, H.; PENG, S.; ZHANG, S.; LI, X.; KORPELAINEN, H.; LI, C. Transcriptional profiling analysis in *Populus yunnanensis* provides insights into molecular mechanisms of sexual differences in salinity tolerance. **J. Exp. Bot.**, v. 63, p. 3709-3726, 2012.
- JIANG, M.; ZHANG, J. Role of abscisic acid in water stress-induced antioxidant defense in leaves of maize seedlings. **Free Radic. Res.**, v. 36, p. 1001-1015, 2002.
- JIANG, X.; LEIDI, E. O.; PARDO, J. M. How do vacuolar NHX exchangers function in plant salt tolerance? **Plant Signal Behav.**, v. 5, p. 792-795, 2010.
- JIANG, Y.; HUANG, B. Drought and heat stress injury to two cool season turf grasses in relation to antioxidant metabolism and lipid peroxidation. **Crop Sci.**, v. 41, p. 436-442, 2001.
- JIN, H. L.; MARTIN, C. Multifunctionality and diversity within the plant *MYB*-gene family. **Plant Mol. Biol.**, v. 41, p. 57-585, 1999.
- JOHNSON, S. M.; LIM, F-L.; FINKLER, A.; FROMM, H.; SLABAS, A. R.; KNIGHT, M. R. Transcriptomic analysis of *Sorghum bicolor* responding to combined heat and drought stress. **BMC Genomics**, 15:456, 2014.
- JOSHI, R.; WANI, S. H.; SINGH, B.; BOHRA, A.; DAR, Z. A.; LONE, A. A.; PAREEK, A.; SINGLA-PAREEK, S. L. Transcription factors and plants response to drought stress: current understanding and future directions. **Front. Plant Sci.**, 7: 1029, 2016.
- KAKUMANU, A.; AMBAVARAM, M. M. R.; KLUMAS, C.; KRISHNAN, A.; BATLANG, U.; MYERS, E. et al. Effects of drought on gene expression in maize reproductive and leaf meristem tissue revealed by RNA-seq. **Plant Physiol.**, v. 160, p. 846-867, 2012.
- KANEHISA, M.; GOTO, S. Kegg: Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes. **Nucleic Acids Res.**, v. 28, p. 27-30, 2000.
- KARAN, R., AND SUBUDHI, P. K. A stress inducible SUMO conjugating enzyme gene (*SaSce9*) from a grass halophyte *Spartina alterniflora* enhances salinity and drought stress tolerance in *Arabidopsis*. **BMC Plant Biol.**, 12:187, 2012.
- KAUSHAL, N.; GUPTA, K.; BHANDHARI, K.; KUMAR, S.; THAKUR, P.; NAYYAR, H. Proline induces heat tolerance in chickpea (*Cicer arietinum* L.) plants by protecting

- vital enzymes of carbon and antioxidative metabolism. **Physiol. Mol. Biol.**, v. 17, p. 203-213, 2011.
- KAVAS, M.; BALOGLU, M. C.; ATABAY, E. S.; ZIPLAR, U. T.; DASGAN, H. Y.; ÜNVER, T. Genome-wide characterization and expression analysis of common bean *bHLH* transcription factors in response to excess salt concentration. **Mol. Genet. Genomics** 291, 129-143, 2016.
- KELES, Y.; ONCEL, I. Response of antioxidative defense system to temperature and water stress combinations in wheat seedlings. **Plant Sci.**, v. 163, p. 783-790, 2002.
- KESHET, Y.; SEGER, R. The MAP kinase signaling cascades: a system of hundreds of components regulates a diverse array of physiological functions. In **MAP Kinase Signaling Protocols**. New York city, USA: Humana Press; p. 3-38, 2010.
- KIEGERL, S.; CARDINALE, F.; SILIGAN, C.; GROSS, A.; BAUDOUIN, E.; LIWOSZ, A. et al. SIMKK, a mitogen-activated protein kinase (MAPK) kinase, is a specific activator of the salt stress-induced MAPK, SIMK. **Plant Cell**, v. 12, p. 2247-2258, 2000.
- KIM, B. G.; WAADT, R.; CHEONG, Y. H.; PANDEY, G. K.; DOMINGUEZ-SOLIS, J. R.; SCHULTKE, S. LEE, S. C.; KUDLA, J. LUAN, S. The calcium sensor CBL10 mediates salt tolerance by regulating ion homeostasis in *Arabidopsis*. **Plant J.**, v. 52, p. 473-484, 2007.
- KITAO, M.; LEI, T. T.; KOIKE, T.; TOBITA, H.; MARUYAMA, Y. Higher electron transport rate observed at low intercellular CO₂ concentration in long-term drought-acclimated leaves of Japanese mountain birch (*Betula ermanii*). **Physiol. Plant.**, v. 118, p. 406-413, 2003.
- KRASENSKY, J.; JONAK, C. Drought, salt, and temperature stress-induced metabolic rearrangements and regulatory networks. **J.Exp. Bot.**, v. 63, p. 1593-1608, 2012.
- KUMAR, P. Regulation of biotic and abiotic stress responses by plant hormones. **Plant Cell Rep.**, v. 32, p.943-943, 2013.
- KUMAR. S.; GUPTA, D.; NAYYAR, H. Comparative response of maize and rice genotypes to heat stress: status of oxidative stress and antioxidants. **Acta Physiol. Plant.**, v. 34, p. 75-86, 2012.
- KUSANO, T.; YAMAGUCHI, K.; BERBERICH, T.; TAKAHASHI, Y. Advances in polyamine research. **J. Plant Res.**, v. 120, p. 345-350, 2007.
- KUZNESTOV, V. V.; SHEVYAKOVA, N. I. Stress responses of tobacco cells to high temperature and salinity. Proline accumulation and phosphorylation of polypeptides. **Physiol. Plant.**, v. 100, p. 320-326, 1997.
- KVAM, V. M.; LIU, P.; SI, Y. A. Comparison of statistical methods for detecting differentially expressed genes from RNA-seq data. **Am. J. Bot.**, v. 99, p. 248-256, 2012.
- LACERDA C. F.; CAMBRAIA J.; OLIVA, M. A. C.; RUIZ, H. A. Plant growth and solute accumulation and distribution in two *sorghum* genotypes, under NaCl stress. **Rev. Bras. Fisiol. Veg.**, v. 13, p. 270-284, 2001.

- LACERDA, C. F.; CAMBRAIA, J.; OLIVA, A. M. C; RUIZ, H. A. Osmotic adjustment in roots and leaves of two *Sorghum* genotypes under NaCl stress. **Braz. J. Plant Physiol.**, v. 15, p. 113-118, 2003.
- LANDER, E. S.; LINTON, L. M.; BIRREN, B.; NUSBAUM, C.; ZODY, M. C.; BALDWIN, J.; DEVON, K. et al. Initial sequencing and analysis of the human genome. **Nature**, v. 409, p. 860-921, 2001.
- LANGMEAD, B.; TRAPNELL, C.; POP, M.; SALZBERG, S.L. Ultrafast and memoryefficient alignment of short DNA sequences to the human genome. **Genome Biol.**,10:R25, 2009.
- LASHKARI, D. A.; DERISI, J. L.; MCCUSKER, J. H.; NAMATH, A. F.; GENTILE, C.; HWANG, S. Y.; BROWN, P. O.; DAVIS, R. W. Yeast microarrays for genome wide parallel genetic and gene expression analysis. **Proc. Natl. Acad. Sci. USA**, v. 94, p. 13057-13062, 1997.
- LATOWSKI, D.; KUCZYŃSKA P.; STRZAŁKA, K. Xanthophyll cycle - a mechanism protecting plants against oxidative stress, **Redox Rep.**, v. 16, p. 78-90, 2011.
- LEVIN, J. Z.; YASSOUR, M.; ADICONIS, X.; NUSBAUM, C.; THOMPSON, D. A.; FRIEDMAN, N. et al. Comprehensive comparative analysis of strand-specific RNA sequencing methods. **Nat. Methods**, v. 7, p. 709-715, 2010.
- LI, S.; YU, X.; CHENG, Z.; YU, X.; RUAN, M.; LI, W.; PENG, M. Global gene expression analysis reveals crosstalk between response mechanisms to cold and drought stresses in cassava seedlings. **Front. Plant Sci.**, 8:1259, 2017.
- LI, W.; ZHANG, C.; LU, Q.; WEN, X.; LU, C. The combined effect of salt stress and heat shock on proteome profiling in *Suaeda salsa*. **J. Plant Physiol.**, v. 168, p. 1743-1753, 2011.
- LI, X.; WANG, X.; CAI, Y. M. et al. *Arabidopsis* heat stress transcription factors A2(HSFA2) and A3 (HSFA3) function in the same heat regulation pathway.**Acta Physiol. Plant.**, 39:67, 2017.
- LIJUAN, C.; HUIMING, G.; YI, L.; HONGMEI, C. Chalcone synthase *EaCHS1* from *Eupatorium adenophorum* functions in salt stress tolerance in tobacco. **Plant Cell Rep.**, v. 4, p. 885-894, 2015.
- LIN, M. Y.; CHAI, K. H.; KO, S. S.; KUANG, L. Y.; LUR, H. S.; CHARNG, Y. Y. A positive feedback loop between HEAT SHOCK PROTEIN101 and HEAT STRESS-ASSOCIATED 32-KD PROTEIN modulates long-term acquired thermotolerance illustrating diverse heat stress responses in rice varieties. **Plant Physiol.**, v. 4, p. 2045-2053, 2014.
- LINDEMOSE, S.; O'SHEA, C.; JENSEN, M. K.; SKRIVER, K. Structure, function and networks of transcription factors involved in abiotic stress responses. **Int. J. Mol. Sci.**,2013, v. 14, p. 5842-5878, 2013.
- LINK, V.; SINHA, A. K.; VASHISTA, P.; HOFMANN, M. G.; PROELS, R. K; EHNESS, R.; ROITSCH, T. A heat-activated MAP kinase in tomato: a possible regulator of the heat stress response.**FEBS Lett.**, v. 531, p. 179-183, 2002.
- LIU, F.; WANG, X.; SU, M.; YU, M.; ZHANG, S.; LAI, J.; YANG, C.; WANG, Y. Functional characterization of DnSIZ1, a SIZ/PIAS-type SUMO E3 ligase from *Dendrobium*. **BMC Plant Biol.**, 15:225, 2015.

- LIU, H. C.; LIAO, H. Y.; CHARNG, Y. Y. The role of class A1 heat shock factors (*HSFA1s*) in response to heat and other stresses in *Arabidopsis*. **Plant Cell Environ.**, v. 34, p. 738-751, 2011.
- LIU, J-H.; WANG, W.; WU, H.; GONG, X.; MORIGUCHI, T. Polyamines function in stress tolerance: from synthesis to regulation. **Front. Plant Sci.**, 6:827, 2015.
- LIU, Y.; HE, C. A review of redox signaling and the control of MAP kinase pathway in plants. **Redox Biol.**, v. 11, p. 192-204, 2017.
- MA, L.; ZHANG, H.; SUN, L.; JIAO, Y.; ZHANG, G.; CHEN, M. et al. *NADPH oxidase AtrbohD* and *AtrbohF* function in ROS-dependent regulation of Na⁺/K⁺ homeostasis in *Arabidopsis* under salt stress. **J. Exp. Bot.**, v. 63, p. 305-317, 2012.
- MA, S.; GONG, Q.; BOHNERT, H. J. Dissecting salt stress pathways. **J. Exp. Bot.**, v. 57, p.1097-1107, 2006.
- MA, Y. H.; MA, F. W.; ZHANG, J. K.; LI, M. J. et al. Effects of high temperature on activities and gene expression of enzymes involved in Ascorbate-Glutathione cycle in apple leaves. **Plant Sci.**, v. 175, p. 761-766, 2008.
- MACOVEI, A.; VAID, N.; TULA, S.; TUTEJA, N. A new DEAD-box helicase ATP-binding protein (*OsABP*) from rice is responsive to abiotic stress. **Plant Signaling & Behav.**, v. 7, p. 1138-1143, 2012.
- MALAVOLTA, E.; VITTI, G. C.; OLIVEIRA, A. S. **Avaliação do estado nutricional das plantas: Princípios e aplicações**. Associação Brasileira para Pesquisa do Potássio e do Fósforo. 1989. 201p.
- MARDIS, E. R. Next-generation DNA sequencing methods. **Ann. Rev. Genom. Hum. Genet.**, v. 9, p. 387-402, 2008.
- MARSHALL, O. J. Perlprimer: cross-platform, graphical primer design for standard, bisulphite and real-time PCR. **Bioinformatics**, v. 20, p. 2471-2472, 2004.
- MARTIN, L. B. B.; FEI, Z.; GIOVANNONI, J. J.; ROSE, J. K. C. Catalyzing plant science research with RNA-seq. **Front. Plant Sci.**,4:66, 2013.
- MASSARI, M. E.; MURRE, C. Helix-loop-helix proteins: regulators of transcription in eucaryotic organisms. **Mol. Cell. Biol.**, v. 20, p. 429-440, 2000.
- MASTROBUONI, G.; IRGANG, S.; PIETZKE, M.; ASSMUS, H. E.; WENZEL, M.; SCHULZE, W. X.; KEMPA, S. Proteome dynamics and early salt stress response of the photosynthetic organism *Chlamydomonas reinhardtii*. **BMC Genomics**, 13:215, 2012.
- MATHUR, S.; UMAKANTH, A. V.; TONAPI, V. A.; SHARMA, R.; SHARMA, M. K. Sweet sorghum as biofuel feedstock: recent advances and available resources. **Biotechnol. Biofuels**, 10:146, 2017.
- MAXAM, A. M.; GILBERT, W. A new method for sequencing DNA. **Proc. Natl. Acad. Sci. U S A**, v. 74, p. 560-564, 1977.
- MCGETTIGAN, P. A. Transcriptomics in the RNA-seq era. **Curr. Opin. Chem. Biol.**, v.17, p. 4-11, 2013.
- MEIJER, H. J. G.; MUNNIK, T. Phospholipid-based signaling in plants. **Annu. Rev. Plant Biol.**, v. 54, p. 265-306, 2003.

- METZKER, M. L. Sequencing technologies - the next generation. **Nat. Rev. Genet.**, v. 1, p. 31-46, 2010.
- MIKKELSEN, T.; HILLER, L. W.; EICHLER, E. E.; ZODY, M. C.; JAFFE, D. B.; YANG, S. P.; ENARD, W. et al. Initial sequence of the chimpanzee genome and comparison with the human genome. **Nature**, v. 437, p. 69-87, 2005.
- MILLER, G.; SUZUKI, N.; CIFTCI-YILMAZ, S.; MITTLER, R. Reactive oxygen species homeostasis and signalling during drought and salinity stresses. **Plant Cell Environ.**, v. 33, p. 453-467, 2010.
- MIRANDA, R. S.; GOMES-FILHO, E.; PRISCO, J. T.; ALVAREZ-PIZARRO, J. C. Ammonium improves tolerance to salinity stress in *Sorghum bicolor* plants. **Plant Growth Reg.**, v. 78, p. 121-131, 2016.
- MIRANDA, R. S.; MESQUITA, R. O.; COSTA, J. H.; ALVAREZ-PIZARRO, J. C.; PRISCO, J. T. GOMES-FILHO, E. Integrative control between proton pumps and sos1 antiporters in roots is crucial for maintaining low Na⁺ accumulation and salt tolerance in ammonium-supplied *Sorghum bicolor*. **Plant Cell Physiol.**, v. 58, p. 522-536, 2017.
- MISHRA, N.; SUN, LI.; ZHU, XUNLU.; SMITH, JENNIFER.; SRIVASTAVA, A. P.; YANG, X.; PEHLIVAN, N.; ESMAEILI, N.; LUO, H.; SHEN, G.; JONES, D.; AULD, D.; BURKE, J.; PAYTON, P.; ZHANG, H. Overexpression of the rice SUMO E3 ligase gene *OsSZ1* in cotton enhances drought and heat tolerance, and substantially improves fiber yields in the field under reduced irrigation and rainfed conditions. **Plant Cell Physiol.**, v. 58, p. 735-746, 2017.
- MITTLER, R. Abiotic stress, the field environment and stress combination. **Trends Plant Sci.**, v. 11, p. 15-19, 2006.
- MITTLER, R. Oxidative stress, antioxidants and stress tolerance. **Trends Plant Sci.**, v. 7, n.9, p. 405-410. 2002.
- MITTLER, R. ROS are good. **Trendsplant sci.**, v. 22, p. 11-19, 2017.
- MITTLER, R.; FINKA, A.; GOLOUBINOFF, P. How do plants feel the heat? **Trends Biochem. Sci.**, v. 37, p. 118-125, 2012.
- MORIYA, Y.; ITOH, M.; OKUDA, S.; YOSHIZAWA, A.; KANEHISA, M. KAAS: an automatic genome annotation and pathway reconstruction server. **Nucleic Acids Res.**, v. 35, p.182-185, 2007.
- MOROZOVA, O.; MARRA, M.A. Applications of next-generation sequencing technologies in functional genomics. **Genomics**, v. 92, p. 255-264, 2008.
- MUNNS, R. Comparative physiology of salt and water stress. **Plant Cell Environ.**, v. 25, p. 239-250. 2002.
- MUNNS, R.; TESTER, M. Mechanisms of salinity tolerance. **Annu. Rev. Plant Biol.**, v. 59, p. 651-681, 2008.
- MUTZ, K. O.; HEILKENBRINKER, A.; LÖNNE, M.; WALTER, J. G.; STAHL, F. Transcriptome analysis using next-generation sequencing. **Curr. Opin. Biotechnol.**, v. 24, p. 22-30, 2013.

- NAGALAKSHMI, U.; WANG, Z.; WAERN, K.; SHOU, C.; RAHA, D.; GERSTEIN, M.; SNYDER, M. The transcriptional landscape of the yeast genome defined by RNA sequencing. **Science**, v. 320, p. 1344-1349, 2008.
- NAKANO, Y.; ASADA, K. Hydrogen peroxide is scavenged by ascorbate specific peroxidase in spinach chloroplasts. **Plant Cell Physiol.**, v. 22, p. 867-880, 1981.
- NEGRÃO, S.; SCHMÖCKEL, S. M.; TESTER, M. Evaluating physiological responses of plants to salinity stress. **Ann.Bot.** v. 119, p. 1-11, 2017.
- NYMARK, M.; VALLE, K. C.; BREMBU, T.; HANCKE, K.; WINGE, P.; ANDRESEN, K.; JOHNSEN, G.; BONES, A. T. An integrated analysis of molecular acclimation to high light in the marine diatom *Phaeodactylum tricornutum*. **PLoS One**, 4: e7743, 2009.
- OHTA, M.; GUO, Y.; HALFTER, U.; ZHU, J. K. A novel domain in the protein kinase SOS2 mediates interaction with the protein phosphatase 2C (ABI2). **Proc. Natl. Acad. Sci. U S A**, v. 100, p. 11771-11776, 2003.
- OLIVEIRA, V. P.; MARQUES, E. C.; LACERDA, C. F.; PRISCO, J. T.; GOMES-FILHO, E. Physiological and biochemical characteristics of *Sorghum bicolor* and *Sorghum sudanense* subjected to salt stress in two stages of development. **Afri. J. Agric. Res.**, v.8, p. 660-670, 2013.
- PANDEY, P.; RAMEGOWDA, V.; SENTHIL-KUMAR M. Shared and unique responses of plants to multiple individual stresses and stress combinations: physiological and molecular mechanisms. **Front. Plant Sci.**, 6:723, 2015.
- PANDEY, S.; FARTYAL, D.; AGARWAL, A.; SHUKLA, T.; JAMES, D.; KAUL, T.; NEGI, Y. K.; ARORA, S.; REDDY, M. K. (2017) Abiotic stress tolerance in plants: myriad roles of Ascorbate peroxidase. **Front. Plant Sci.**, 8:581, 2017.
- PANG, C. H.; WANG, B. S. Oxidative stress and salt tolerance in plants. **Springer Berlin Heidelberg**, v. 69, p. 231-245, 2008.
- PARIDA, A. K.; DAS, A. B. Salt tolerance and salinity effects on plants: a review. **Ecotoxicol. Environ.**, v. 60, 324-349, 2005.
- PARK, H. J.; KIM, W.-Y.; YUN, D.-J. A new insight of salt stress signaling in plant. **Mol. Cells**, v. 39, p. 447-459, 2016.
- PATERSON, A. H.; BOWERS, J. E.; BRUGGMANN, R.; DUBCHAK, I.; GRIMWOOD, J.; GUNDLACH, H.; HABERER, G.; HELLSTEN U. et al. The *Sorghum bicolor* genome and the diversification of grasses. **Nature**, v. 457, p. 551-556, 2009.
- PENG, Z.; HE, SHOUPI.; SUN, J.; PAN, Z.; GONG, W.; LU, Y.; DU X. Na⁺ compartmentalization related to salinity stress tolerance in upland cotton (*Gossypium hirsutum*) seedlings. **Scientific Rep.**, 6:34548, 2016.
- PEREMARTI, A.; MARÈ, C.; APRILE, A.; RONCAGLIA, E.; CATTIVELLI, L.; VILLEGAS, D.; ROYO, C. Transcriptomic and proteomic analyses of a pale-green durum wheat mutant shows variations in photosystem components and metabolic deficiencies under drought stress. **BMC Genomics**, 5:125, 2014.
- PETROV, V.; HILLE, J.; MUELLER-RUEBER, B.; GECHEV, T. ROS-mediated abiotic-stress induced programmed cell death in plants. **Front. Plant Sci.**, v. 6, p. 1-16, 2015.

- PI, E.; QU, L.; HU, J.; HUANG, Y.; QIU, L.; LU, H.; JIANG, B.; LIU, C.; PENG, T.; ZHAO, Y.; WANG, H.; TSAI, S.-N.; NGAI, S.; DU, L. Mechanisms of Soybean roots' tolerances to salinity revealed by proteomic and phosphoproteomic comparisons between two cultivars. **Mol. Cell. Proteomics**, v. 15, p. 266-288, 2016.
- PRISCO, J. T., GOMES FILHO, E., MIRANDA, R. S. **Physiology and biochemistry of plants growing under salt stress**. Gheyi, H. R.; Dias, N. da S.; Lacerda, C.F. de; Gomes Filho, E. (ed.) Manejo da salinidade na agricultura: Estudos básicos e aplicados - ISBN, 2016
- QIU, Q. S.; GUO, Y.; QUINTERO, F. J.; PARDO, J. M.; SCHUMAKER, K. S.; ZHU J. K. Regulation of vacuolar Na⁺/H⁺ exchange in *Arabidopsis thaliana* by the Salt-Overly-Sensitive (SOS) pathway. **J. Biol. Chem.**, v. 279, p. 207-215, 2004.
- QU, A. L.; DING, Y. F.; JIANG, Q.; ZHU, C. Molecular mechanisms of the plant heat stress response. **Biochem. Biophys. Res. Commun.**, v. 432, p. 203-207, 2013.
- RAHMAN, M. M.; RAHMAN, M. A.; MIAH, M. G.; SAHA, S. R.; KARIM, M. A. MOSTOFA, M. G. Mechanistic insight into salt tolerance of *acacia auriculiformis*: the importance of ion selectivity, osmoprotection, tissue tolerance, and Na⁺ exclusion. **Front. Plant Sci.**, 8:155, 2017.
- RAMATOULAYE, F.; MADY, C.; FALLOU, S.; AMADOU, K.; CYRIL, D. Production and use *Sorghum*: A literature review. **J. Nutrition Health Food Sci.**, v. 4, p. 1-4, 2016
- RAMEGOWDA, V.; SENTHIL-KUMAR, M. The interactive effects of simultaneous biotic and abiotic stresses on plants: mechanistic understanding from drought and pathogen combination. **J. Plant Physiol.**, v. 176, p. 47-54, 2015.
- RASHEED, R.; WAHID, A.; FAROOQ, M.; HUSSAIN, I.; BASRA, S. M. A. Role of proline and glycinebetaine pretreatments in improving heat tolerance of sprouting sugarcane (*Saccharum* sp.) buds. **Plant Growth Regul.**, v. 65, p. 35-45, 2011.
- RASMUSSEN, S.; BARAH, P.; SUAREZ-RODRIGUEZ, M. C.; BRESSENDORFF, S.; FRIIS, P.; COSTANTINO, P.; MUNDY, J. et al. Transcriptome responses to combinations of stresses in *Arabidopsis thaliana*. **Plant Physiol.**, v. 161, p. 1783-1794, 2013.
- REHMAN, S.; MAHMOOD, T. Functional role of *DREB* and *ERF* transcription factors: regulating stress-responsive network in plants. **Acta Physiol. Plant.**, 37:178, 2015.
- RIBEIRO, R.V.; MACHADO, E. C.; SANTOS, M. G.; OLIVEIRA, R. F. Photosynthesis and water relations of well-watered orange plants as affected by winter and summer conditions. **Photosynthetica**, v. 47, p. 215-222, 2009.
- RIVERO, R. M.; MESTRE, T. C.; MITTLER, R.; RUBIO, F.; GARCIA-SANCHEZ, F.; MARTINEZ, V. I. The combined effect of salinity and heat reveals a specific physiological, biochemical and molecular response in tomato plants. **Plant Cell Environ.**, v. 37, p. 1059-1073, 2013.
- RIZHSKY, L.; LIANG, H.; SHUMAN, J.; SHULAEV, V.; DAVLETOVA, S.; MITTLER, R. When defense pathways collide. the response of *arabidopsis* to a combination of drought and heat stress. **Plant Physiol.**, v. 134, p. 1683-1696, 2004.
- ROBINSON, M. D.; OSHLACK, A. A scaling normalization method for differential expression analysis of RNA-seq data. **Genome Biol.**, 11:R25, 2010.

- ROBINSON, M. D.; MCCARTHY, D. J.; SMYTH, G. K. edgeR: a Bioconductor package for differential expression analysis of digital gene expression data. **Bioinformatics**, v. 26, p. 139-140, 2010.
- ROYCHOUDHURY, A.; PAUL, S.; BASU, S. Cross-talk between abscisic acid-dependent and abscisic acid-independent pathways during abiotic stress. **Plant Cell Rep.**, v. 32, p. 985-1006, 2013.
- RUS, A.; LEE, B.H.; MUNOZ-MAYOR, A.; SHARKHUU, A.; MIURA, K.; ZHU, J. K.; BRESSAN, R. A.; HASEGAWA, P. M. *AtHKT1* facilitates Na⁺ homeostasis and K⁺ nutrition in planta. **Plant Physiol.**, v. 136, p. 2500-2511, 2004.
- RUSHTON, P. J.; SOMSSICH, I. E.; RINGLER, P.; SHEN, Q. J. *WRKY* transcription factors. **Trends Plant Sci.**, v. 15, p. 247-258, 2010.
- RYU, H.; CHO, Y. G. Plant hormones in salt stress tolerance. **J. Plant Biol.**, v. 58, p. 147-155, 2015.
- SAKAMOTO, H.; MATSUDA, O.; IBA, K. *ITN1*, a novel gene encoding an ankyrin-repeat protein that affects the ABA-mediated production of reactive oxygen species and is involved in salt-stress tolerance in *Arabidopsis thaliana*. **Plant J.**, v. 56, p. 411-422, 2008.
- SAKATA, T.; HIGASHITANI, A. Male sterility accompanied with abnormal anther development in plants—genes and environmental stresses with special reference to high temperature injury. **Int. J. Plant Dev. Biol.**, v. 2, p. 42-45, 2008.
- SALAZAR, M. M.; NASCIMENTO, L. C.; CAMARGO, E. L. O.; VIDA, L. R. O.; LEPIKSON-NETO, J.; GONCALVES, D. C.; MARQUES, W. L. et al. Comparative transcriptome analysis of tree *Eucalyptus* species using RNA-seq technology: analysis of genes interfering in wood quality aspects. **BMC Proc.**, 5:P175, 2011.
- SALAZAR-PARRA, C.; AGUIRREOLEA, J.; SÁNCHEZ-DÍAZ, M.; IRIGOYEN, J. J.; MORALES, F. Climate change (elevated CO₂, elevated temperature and moderate drought) triggers the antioxidant enzymes response of *Grapevine* cv. *Tempranillo*, avoiding oxidative damage. **Physiol. Plant.**, v. 144, p. 99-110, 2012.
- ŠAMAJOVÁ, O.; PLÍHAL, O.; AL-YOUSIF, M.; HIRT, H.; ŠAMAJ, J. Improvement of stress tolerance in plants by genetic manipulation of mitogen-activated protein kinases. **Biotechnol. Adv.**, v. 31, p. 118-128, 2013.
- SANGER, F. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. **Proc. Natl. Acad. Sci. U S A**, v. 74, p. 5463-5467, 1977.
- SANGWAN, V.; ORVAR, B. L.; BEYERLY, J.; HIRT, H.; DHINDSA, R. S. Opposite changes in membrane fluidity mimic cold and heat stress activation of distinct plant MAP kinase pathways. **Plant J.**, v. 31, p. 629-638, 2002.
- SARACCO, S. A.; MILLER, M. J.; KUREPA, J.; VIERSTRA R. D. Genetic analysis of Sumoylation in *Arabidopsis*: heat-induced conjugation of SUMO1 and SUMO2 is essential. **Plant Physiol.**, v. 145, p. 119-134, 2007.
- SAVIN, R.; NICOLAS, M. E. Effects of short periods of drought and high temperature on grain growth and starch accumulation of two malting barley cultivars. **Aust. J. Plant Physiol.**, v. 23, p. 201-210, 1996.

SCHENA, M.; SHALON, D.; DAVIS, R. W.; BROWN, P. O. Quantitative monitoring of gene expression patterns with a complementary DNA microarray. **Science**, v. 270, p. 467-470, 1995.

SCHMIDT, D.; MÜLLER, S. PIAS/SUMO: new partners in transcriptional regulation. **Cell Mol. Life Sci.**, v. 60, p. 2561-2574, 2003.

SCHROEDER, A.; MUELLER, O.; STOCKER, S.; SALOWSKY, R.; LEIBER, M.; GASSMANN, M.; LIGHTFOOT, S.; MENZEL, W.; GRANZOW, M.; RAGG, T. The RIN: an RNA integrity number for assigning integrity values to RNA measurements. **BMC Mol. Biol.**, 7:3, 2006.

SHAAR-MOSHE, L.; BLUMWALD, E.; PELEG, Z. Unique physiological and transcriptional shifts under combinations of salinity, drought, and heat. **Plant Physiol.**, v. 174, p. 421-434, 2017.

SHANAHAN, J. F.; EDWARDS, I. B.; QUICK, J. S.; FENWICK, J. R. Membrane thermostability and heat tolerance of spring wheat. **Crop Sci.**, v. 30, p. 247-251. 1990.

SHENDURE, J.; JI, H. Next-generation DNA sequencing. **Nat. Biotechnol.**, v. 26, p. 1135-1145, 2008.

SHI, H.; XIONG, L.; STEVENSON, B.; LU, T.; ZHU, J-K. The Arabidopsis salt overly sensitive 4mutants uncover a critical role for vitamin B6 in plant salt tolerance. **Plant Cell**, v. 14, p. 575-588, 2002.

SHI, H.; ZHU, J-K. *SOS4*, A Pyridoxal kinase gene, is required for root hair development in *Arabidopsis*. **Plant Physiol.**, v. 129, p. 585-593, 2002.

SILVA, E. N.; RIBEIRO, R. V.; FERREIRA-SILVA, S. L.; VIÉGAS, R. A.; SILVEIRA, J. A. G. Salt stress induced damages on the photosynthesis of physic nut young plants. **Sci. agric. (Piracicaba, Braz.)**, v. 68, p. 62-68, 2011.

SILVA, E. N.; VIEIRA, A. S.; RIBEIRO, R.V.; PONTE, L. F. A.; FERREIRA-SILVA, S. L.; SILVEIRA, J. A. G. Contrasting physiological responses of *Jatropha curcas* plants to single and combined stresses of salinity and heat. **J. Plant Growth Regul.**, v. 32, p. 159-169, 2013.

SILVA, J. V.; LACERDA, C. F.; NETO, A. D. A.; COSTA, P. H. A.; PRISCO, J. T.; ENÉAS-FILHO, J.; GOMES-FILHO, E. Crescimento e osmorregulação em dois genótipos de sorgo submetidos a estresse salino. **Rev. Cienc. Agron.**, v. 34, p. 125-131, 2003.

SILVEIRA, J. A. G.; VIÉGAS, R. A.; ROCHA, I. M. A.; MOREIRA, A. C. O. M.; MOREIRA, R. A. Proline accumulation and glutamine synthetase activity are increased by salt-induced proetolysis in cashew leaves. **Journal of Plant Physiology**, v.160, p. 115-123, 2003.

SKORUPA, M.; GOŁĘBIEWSKI, M.; DOMAGALSKI, K.; KURNIK, K.; ABU NAHIA, K.; ZŁOCH, M.; TRETYN, A.; TYBURSKI, J. Transcriptomic profiling of the salt stress response in excised leaves of the halophyte *Beta vulgaris* ssp. *maritima*. **Plant Sci.**, v. 243, p. 56-70, 2016.

SMÉKALOVÁ, V.; DOSKOČILOVÁ, A.; KOMIS, G.; SAMAJ, J. Crosstalk between secondary messengers, hormones and MAPK modules during abiotic stress signalling in plants. **Biotechnol. Adv.**, v. 32, p. 2-11. 2014.

- SONG, S. Y.; CHEN, Y.; CHEN, J.; DAI, X. Y.; ZHANG, W. H. Physiological mechanisms underlying OsNAC5-dependent tolerance of rice plants to abiotic stress. **Planta**, v. 234, p. 331-345, 2011.
- STUTZ, S. S.; ANDERSON, J.; ZULICK, R.; HANSON, D. T. Inside out: efflux of carbon dioxide from leaves represents more than leaf metabolism. **Journal of Exp. Bot.**, V. 68, p. 2849-2857, 2017.
- SUZUKI, N.; BASSIL, E.; HAMILTON, J. S.; INUPAKUTIKA, M. A.; ZANDALINAS, S. I.; TRIPATHY, D.; LUO, Y.; DION, E.; FUKUI, G.; KUMAZAKI, A.; NAKANO, R.; RIVERO, R. M.; VERBECK, G. F.; AZAD, R. K.; BLUMWALD, E.; MITTLER, R. ABA is required for plant acclimation to a combination of salt and heat stress. **PLoS One**, 11:e0147625, 2016.
- SUZUKI, N.; RIVERO, R. M.; SHULAEV, V.; BLUMWALD, E.; MITTLER, R. Abiotic and biotic stress combinations. **New Phytol.**, v. 203, p. 32-43, 2014.
- TANNER, N. K.; LINDER, P. DExD/H box RNA helicases: from generic motors to specific dissociation functions. **Mol. Cell.**, v. 8, p. 251-262, 2001.
- TAO, H.; YI, H.; HU, L.; FU, J. Stomatal and metabolic limitations to photosynthesis resulting from NaCl stress in *perennial ryegrass* genotypes differing in salt tolerance. **J. Amer. Soc. Hort. Sci.**, v. 138, p.350-357, 2013.
- TARI, I.; LASKAY, G.; TAKÁCS, Z.; POÓR, P. Response of *Sorghum* to abiotic stresses: A review. **J. Agron. Crop Sci.**, v. 199, p. 264-274, 2013.
- THU-HA, P.; JUNG, H.-I.; PARK, J.-H.; KIM, J.-G.; BACK, K.; JUNG, S. Porphyrin biosynthesis control under water stress: sustained porphyrin status correlates with drought tolerance in transgenic rice. **Plant Physiol.**, v. 157, p. 1746-1764, 2011.
- TRAPNELL, C.; PACHTER, L.; SALZBERG, S.L. TopHat: discovering splice junctions with RNA-Seq. **Bioinformatics**, v. 25, p. 1105-1111, 2009.
- TURAN, S.; TRIPATHY, B. C. Salt-stress induced modulation of chlorophyll biosynthesis during de-etiolation of rice seedlings. **Physiol. Plant**, v. 153, p. 477-491, 2015.
- TUTEJA, N.; MAHAJAN, S. Calcium Signaling Network in Plants. **Plant Signal Behav.**, v. 2, p. 79-85, 2007.
- URBAN, J.; INGWERS, M. W.; MCGUIRE, M. A.; TESKEY, R. O. Increase in leaf temperature opens stomata and decouples net photosynthesis from stomatal conductance in *Pinus taeda* and *Populus deltoides x nigra*. **J. Exp. Bot.**, V. 68, p. 1757-1767, 2017.
- URBANEK, H.; KUZNIAK-GEBAROWSKA, E.; HERKA, K. Elicitation of defense responses in bean leaves by *Botrytis cinerea* polygalacturonase. **Acta Phys. Plant.** v. 13, p. 43-50, 1991.
- VANDERAUWERA, S.; VANDENBROUCKE, K.; INZÉ, A.; VAN DE COTTE, B.; MÜHLENBOCK, P.; DE RYCKE, R. et al. *AtWRKY15* perturbation abolishes the mitochondrial stress response that steers osmotic stress tolerance in *Arabidopsis*. **Proc. Natl. Acad. Sci. U S A.** v. 109, p. 20113-20118, 2012.
- VANDESOMPELE, J.; DE PRETER, K.; PATTYN, F.; POPPE, B.; VAN ROY, N.; DE PAEPE, A. Accurate normalization of real time quantitative RT-PCR data by

- geometric averaging of multiple internal control genes. **Genome Biol.**, v. 3, p. 1-11, 2002.
- VERK, M. C.V.; HICHMAN, R.; PIETERSE, C. M. J.; WEES, S. C. M. V. RNA-Seq: revelation of the messengers. **Trends Plant Sci.**, v. 18, p. 175-179, 2013.
- VISHWAKARMA, K.; UPADHYAY, N.; KUMAR, N.; YADAV, G.; SINGH, J.; MISHRA, R. K.; KUMAR, V.; VERMA, R.; UPADHYAY, R. G.; PANDEY, M.; SHARMA, S. Abscisic acid signaling and abiotic stress tolerance in plants: a review on current knowledge and future prospects. **Front. Plant Sci.**, 8:161, 2017.
- WALLENIUS, K.T. Biased sampling: the non-central hypergeometric probability distribution. **PhD: Stanford University**, 1963.
- WANG, K.; LIU, Y.; TIAN, J.; HUANG, K.; SHI, T.; DAI, X.; ZHANG, W. Transcriptional profiling and identification of heat-responsive genes in *Perennial ryegrass* by RNA-sequencing. **Front. Plant Sci.**, 8:1032, 2017.
- WANG, W.; VINOCCUR, B.; ALTMAN, A. Plant responses to drought, salinity and extreme temperatures: towards genetic engineering for stress tolerance. **Planta**, v. 218, p. 1-14, 2003.
- WANG, Y. R.; KANG, S. Z.; LI, F.; ZHANG, S. L.; ZHANG, J. H. Saline water irrigation through a crop-water-salinity production function and a soil water-salinity dynamic model. **Pedosphere**, V. 17, P. 303-317, 2007.
- WANG, Z.; GERSTEIN, M.; SNYDER, M. RNA-Seq: A revolutionary tool for transcriptomics. **Nat. Rev.**, v. 10, p. 57-63, 2009.
- WATERSTON, R. H.; LINDBLAD-TOH, K.; BIRNEY, E.; ROGERS, J.; ABRIL, J.F.; AGARWAL, P.; AGARWALA, R. et al. Initial sequencing and comparative analysis of the mouse genome. **Nature**, v. 420, p. 520-562, 2002.
- WEBER, H.; CHETELAT, A.; REYMOND, P.; FARMER, E. E. Selective and powerful stress gene expression in *Arabidopsis* in response to malondialdehyde. **Plant J.** v. 37, p. 877-888, 2004.
- WEI, Y.; XU, Y.; LU, P.; WANG, X.; LI, Z.; CAI, X.; et al. Salt stress responsiveness of a wild cotton species (*Gossypium klotzschianum*) based on transcriptomic analysis. **PLoS ONE**, 12:e0178313, 2017.
- WELLBURN, A. R. The spectral determination of chlorophyll a and chlorophyll b, as well as total carotenoids, using various solvents with spectrophotometers of different resolution. **J. Plant Physiol.**, v. 144, p. 307-313, 1994.
- WILHELM, B. T.; LANDRY, J-R. RNA-Seq: quantitative measurement of expression through massively parallel RNA-sequencing. **Methods**, v. 48, p. 249-257, 2009.
- WILSON, R. A.; SANGHA, M. K.; BANGA, S. S.; ATWAL, A. K.; GUPTA S. Heat stress tolerance in relation to oxidative stress and antioxidants in *Brassica juncea*. **J. Environ. Biol.**, v. 35, p. 383-387, 2014.
- XIANG, Y.; LU, Y. H.; SONG, M.; WANG, Y.; XU, W.; WU, L. et al. Overexpression of a *Triticum aestivum* Calreticulin gene (*TaCRT1*) improves salinity tolerance in Tobacco. **PLoS ONE**, 10: e0140591, 2015.
- XU, S.; LI, J., ZHANG, X.; WEI, H.; CUI, L. Effects of heat acclimation pretreatment on changes of membrane lipid peroxidation, antioxidant metabolites,

- and ultrastructure of chloroplasts in two cool-season turfgrass species under heat stress. **Environ. Exp. Bot.**, v. 56, p. 274-285, 2006.
- YAMADA, K.; FUKAO, Y.; HAYASHI, M.; FUKAZAWA, M.; SUZUKI, I.; NISHIMURA, M. Cytosolic HSP90 regulates the heat shock response that is responsible for heat acclimation in *Arabidopsis thaliana*. **J. Biol. Chem.**, v. 282, p. 37794-37804, 2007.
- YAN, K.; CHEN, P.; SHAO, H.; SHAO, C.; ZHAO S.; BRESTIC, M. Dissection of photosynthetic electron transport process in sweet *sorghum* under heat stress. **PLoS ONE** 8: e62100, 2013.
- YAN, K.; CHEN, P.; SHAO, H.; ZHAO, S.; ZHANG, L.; ZHANG, L.; XU, G.; SUN, J. Responses of photosynthesis and photosystem II to higher temperature and salt stress in *Sorghum*. **J. Agron. Crop Sci.**, v. 198, p. 218-225, 2012.
- YANCEY, P. 2005. Organic osmolytes as compatible, metabolic and counteracting cytoprotectants in high osmolarity and other stresses. **J. Exp. Biol.**, v. 208, p. 2819-2830, 2005.
- YONG-FANG, L.; YIXING, W.; YUHONG, T.; VIJAYA, G. K.; RAMAMURTHY, M. Transcriptome analysis of heat stress response in switchgrass (*Panicum virgatum* L.). **BMC Plant Biol.**, 13:153, 2013.
- YONNY, M. E.; TORRESSI, A. R.; NAZARENO, M. A.; CERUTTI, S. Development of a novel, sensitive, selective, and fast methodology to determine malondialdehyde in leaves of melon plants by ultra-high-performance liquid chromatography-tandem mass spectrometry. **J. Anal. Methods Chem.**, 4327954;1-9, 2017.
- YOUNG, M. D.; WAKEFIELD, M. J.; SMYTH, G. K.; OSHLACK, A. Gene ontology analysis for RNA-seq: accounting for selection bias. **Genome Biol.**, 11, p. R14, 2010.
- YU, L., NIE, J., CAO, C., JIN, Y., YAN, M., WANG, F., et al. Phosphatidic acid mediates salt stress response by regulation of MPK6 in *Arabidopsis thaliana*. **New Phytol.**, v.188, p. 762-773, 2010.
- YUN, K. Y.; PARK, M. R.; MOHANTY, B.; HERATH, V.; XU, F.; MAULEON, R. et al. Transcriptional regulatory network triggered by oxidative signals configures the early response mechanisms of japonica rice to chilling stress. **BMC Plant Biol.**, 10:16, 2010.
- ZAIDI, I.; EBEL, C.; BELGAROU, N.; GHORBEL, M.; AMARA, I.; HANIN, M. Thewheat MAP kinase phosphatase 1 alleviates salt stress and increases antioxidant activities in *Arabidopsis*. **J. Plant Physiol.**, v. 193, p. 12-21, 2016.
- ZENG, Y.; LI, L.; YANG, R.; YI, X.; ZHANG, B. Contribution and distribution of inorganic ions and organic compounds to the osmotic adjustment in *Halostachys caspica* response to salt stress. **Sci. Rep.**, 5:13639, 2015.
- ZHANG, J.; JIA, W.; YANG, J.; ISMAIL, A. M. Role of ABA in integrating plant responses to drought and salt stresses. **Field crops res.**, v. 97, p. 111-119, 2006.
- ZHANG, Q.; LIU, M.; RUAN, J. Metabolomics analysis reveals the metabolic and functional roles of flavonoids in light-sensitive tea leaves. **BMC Plant Biol.**, 17:64, 2017.
- ZHANG, R.; SHARKEY, T. D. Photosynthetic electron transport and proton flux under moderate heat stress. **Photosynth. Res.**, v. 100, p. 29-43, 2009.

- ZHANG, X.; YAO, D.; WANG, Q.; XU, W.; WEI, Q.; WANG, C.; LIU, C. et al. mRNA-seq analysis of the *Gossypium arboreum* transcriptome reveals tissue selective signaling in response to water stress during seedling stage. **PLoS ONE**, 8: e54762, 2013.
- ZHANG, Y.; WANG, L. The WRKY transcription factor superfamily: its origin in eukaryotes and expansion in plants. **BMC Evol. Biol.**, 5:1, 2005.
- ZHOU, J.; XIA, X-J.; ZHOU Y-H.; SHI, K.; CHEN, Z.; YU, J-Q. *RBOH1*-dependent H₂O₂ production and subsequent activation of MPK1/2 play an important role in acclimation-induced cross-tolerance in tomato. **J. Exp. Bot.**, v. 65, p. 595-607, 2014.
- ZHOU, R.; YU, X.; OTTOSEN, C-O.; ROSENQVIST,E.; ZHAO,L.; WANG, Y.; YU, W.; ZHAO, T.; WU, Z. Drought stress had a predominant effect over heat stress on three tomato cultivars subjected to combined stress. **BMC Plant Biol.**, 17:24, 2017.
- ZHU, J. K. Regulation of ion homeostasis under salt stress. *Current Opinion in Plant Biol.*, v. 6, p. 441 - 445, 2003.
- ZHU, J-K. Abiotic stress signaling and responses in plants. **Cell**, v. 167, p. 313 -324, 2016.
- ZHU, J-K. Cell signaling under salt, water and cold stresses. **Curr. Opin. Plant Biol.**, v. 4, p. 401-406, 2001.
- ZHU, M.; CHEN, G.; DONG, T.; WANG, L.; ZHANG, J.; ZHAO, Z. et al. *SIDEAD31*, a putative DEADBox RNA helicase gene, regulates salt and drought tolerance and stress-related genes in tomato. **PLoS ONE**, 10: e0133849, 2015.
- ZHU, Y-N.; SHI, D-Q.; RUAN, M-B.; ZHANG, L-L.; MENG, Z-H et al. Transcriptome analysis reveals crosstalk of responsive genes to multiple abiotic stresses in cotton (*Gossypium hirsutum* L.). **PLoS ONE**, 8: e80218, 2013.
- ZOELLER, M.; STINGL, N.; KRISCHKE, M.; FEKETE, A.; WALLER, F.; BERGER, S.; MUELLER, M. J. Lipid profiling of the *Arabidopsis* hypersensitive response reveals specific lipid peroxidation and fragmentation processes: biogenesis of pimelic and azelaic acid. **Plant Physiol.**, v. 160, p. 365-378, 2012.



**UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS
DEPARTAMENTO DE BIOQUÍMICA E BIOLOGIA MOLECULAR
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOQUÍMICA**

ANEXOS

**TÍTULO DA TESE: RESPOSTAS MOLECULARES E FISIOLÓGICAS
ENVOLVIDAS COM TOLERÂNCIA A ESTRESSES ISOLADOS E COMBINADOS
DE SALINIDADE E TEMPERATURA ELEVADA EM DOIS GENÓTIPOS DE
Sorghum bicolor (L.) Moench**

KÁTIA DANIELLA DA CRUZ SARAIVA

**FORTALEZA – CE
2017**

Tabela S1. Genes diferencialmente expressos – GDEs (Up/Down e induzidos/reprimidos) em plantas de sorgo CSF20 submetidas aos tratamentos isolados e combinados de salinidade e temperatura elevada. Diferentes comparações são mostradas na tabela; CONT20 × SAL20, CONT20 × TE20, CONT20 × COMB20, SAL20 × COMB20 e TE20 × COMB20. Os números que aparecem abaixo de cada comparação representam o *Log2 fold change (Log2FC)*. Valores de *Log2FC* positivos indicam que o gene foi regulado positivamente (*Up*), contrariamente, valores negativos indicam que o gene foi regulado negativamente (*Down*), por exemplo, o gene *DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 52B* apresentou valor de *Log2FC* = 10,8 na comparação CONT20 × SAL20, neste caso, o valor positivo indica que esse gene foi regulado positivamente no estresse salino. Os termos induzidos e reprimidos foram usados para genes cujas contagens, dentro de cada comparação, foram zero em um dos tratamentos/condições. A presente tabela engloba todos os GDEs identificados em plantas CSF20.

Id	Anotação gênica	CONT20 × SAL20	CONT20 × TE20	CONT20 × COMB20	SAL20 × COMB20	TE20 × COMB20
Sb01g011240	ATRZ-1A; RNA binding / nucleotide binding		Induzido	Induzido		
Sb02g035630	GPI inositol-deacylase C, putative (DUF1218)	Induzido				
Sb03g005550	Histone H3	Induzido	Induzido	Induzido		
Sb03g036290	Adhesive/proline-rich protein		Induzido		Reprimido	Reprimido
Sb04g001640	FAM206 family protein/Protein Simiate	Induzido				
Sb06g029870	Wound-responsive family protein	Induzido	Induzido	Induzido		
Sb05g019035	Methionine sulfoxide reductase (MSS4-like) family protein	Induzido			Reprimido	
Sb07g002710	Glycosyl hydrolase family protein 17		Induzido			
Sb06g023480	C2 domain-containing protein; elicitor-responsive protein	Induzido				
Sb01g012300	CCR2 (COLD, CIRCADIAN RHYTHM, AND RNA BINDING 2)			Induzido	Induzido	
Sb02g007040	Transmembrane protein			Induzido		
Sb02g011932	HIRA (homolog of histone chaperone HIRA); nucleotide binding / protein binding			Induzido	Induzido	
Sb01g013270	AFO (ABNORMAL FLORAL ORGANS); protein binding / transcription factor/ transcription regulator	Reprimido	Reprimido		Induzido	
Sb01g004120	Disease resistance-responsive family protein					
Sb01g029690	Hydroxyproline-rich glycoprotein family protein				Induzido	
Sb01g012390	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain	Reprimido	Reprimido	Reprimido		

Sb02g028800	tRNA-splicing endonuclease positive effector-related				Induzido	
Sb03g034240	Probable GTP-binding protein OBG, mitochondrial				Induzido	
Sb01g037845	Pentatricopeptide repeat-containing protein At5g50990-like isoform X1					
Sb01g039297	PHD finger transcription factor, putative					-2,041
Sb01g040480	Calcineurin-like phosphoesterase family protein					
Sb10g003380	Putative F-box protein	Induzido	Induzido	Induzido		
Sb03g047540	PWWP domain-containing protein		2,596	2,404		
Sb03g047540.1	PWWP domain-containing protein		-0,802			
Sb08g022490	ATOSM34 (osmotin 34)	Induzido				
Sb06g033960	DUF740 family protein			Induzido	2,384	
Sb03g038500	Heavy metal transport/detoxification sInduzidoerfamily protein	Reprimido			Induzido	
Sb08g006180	Phosphoribosylamine--glycine ligase (PUR2)		2,024			
Sb03g040910	PPa5 (pyrophosphorylase 5); inorganic diphosphatase/pyrophosphatase			Reprimido	Induzido	
Sb01g046120	SDI1 (SULPHUR DEFICIENCY-INDUCED 1); binding		1,875	1,980		
Sb02g005950	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 52B	10,800				
Sb07g019810	APM1 (AMINOPEPTIDASE M1); aminopeptidase		1,772			
Sb04g025520	FRS6 (FAR1-related sequence 6); zinc ion binding	2,060				
Sb04g025520.1	FRS6 (FAR1-related sequence 6); zinc ion binding	-0,979				-0,677
Sb01g002430	CRT1 (CALRETICULIN 1); calcium ion binding / unfolded protein binding			-1,192	-1,261	-1,180
Sb03g043276	Bromodomain-containing protein 4				Induzido	
Sb04g006060	Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 11				Induzido	
Sb02g021450	Xanthine/uracil permease family protein		1,752			
Sb01g042740	FRD3 (FERRIC REDUCTASE DEFECTIVE 3); antiporter/ transporter		1,684	1,790		
Sb02g033130	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase cyclophilin-type family protein	1,599	1,419		1,164	

Sb02g033130.1	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase cyclophilin-type family protein	-1,632				
Sb01g047260	Putative cytochrome c biogenesis	Reprimido	Reprimido	Reprimido		
Sb02g001135	Peroxidase, putative	Reprimido	Reprimido	Reprimido		
Sb05g001010	Peroxidase, putative	1,577		1,218		
Sb02g027280	ISA3 (ISOAMYLASE 3); alpha-amylase/ isoamylase			1,914		-0,946
Sb02g027280.1	ISA3 (ISOAMYLASE 3); alpha-amylase/ isoamylase			-0,960		
Sb04g008065	Oxidative stress 3	Reprimido	Reprimido		Induzido	
Sb04g024140	Unknown protein	Reprimido			Induzido	
Sb02g027820	Transmembrane protein	Reprimido	Reprimido	Reprimido		Induzido
Sb02g028430	rho GTPase-activating gacO-like protein	Reprimido				Induzido
Sb01g017940	PIP5K9 (PHOSPHATIDYL INOSITOL MONOPHOSPHATE 5 KINASE)	0,869	1,636	1,628	0,755	-2,225
Sb04g005520	WRKY60; transcription factor		1,651			
Sb01g014280	ARI1 (ARIADNE); protein binding / zinc ion binding		1,629			
Sb04g007320	NIG (NSP (NUCLEAR SHUTTLE PROTEIN)-INTERACTING GTPASE); GTP binding / GTPase	1,565		1,829		
Sb01g032580	LBD40 (LOB DOMAIN-CONTAINING PROTEIN 40)	1,394			Induzido	
Sb04g027060	Unknown protein	Reprimido				Induzido
Sb02g038190	Zinc finger SWIM domain-containing protein 7					
Sb02g032370	Phytoene synthase (PSY) / geranylgeranyl-diphosphate geranylgeranyl transferase		1,607	1,751		
Sb05g003200	ATC (CENTRORADIALIS); phosphatidylethanolamine binding	1,216	1,557	1,338		
Sb02g031490	DUF630 family protein, putative (DUF630 and DUF632)/bZIP transcription factor		1,553	1,392		
Sb05g023730	Basic helix-loop-helix (bHLH) family protein		1,539			-1,076
Sb01g013110	Transcription regulator NOT2/NOT3/NOT5 family protein		1,534			-2,269
Sb07g003280	Monodehydroascorbate reductase, putative	-1,528	1,532		1,244	2,215
Sb01g033295	Unknown protein		1,514			-1,066
Sb04g020780	Pseudouridine synthase family protein		1,407			

Sb10g003310	MKK2 (MAP KINASE KINASE 2); MAP kinase kinase/kinase	1,362
Sb03g008100	Serine/threonine protein kinase, putative	1,226
Sb01g005150	Tryptophan synthase, alpha subunit, putative	1,155
Sb03g006000	GGT4 (GAMMA-GLUTAMYL TRANSPEPTIDASE 4)	1,093
Sb06g013770	Disease resistance protein (NBS-LRR class), putative	1,082
Sb06g031280	Alphavirus core protein family	1,080
Sb05g024200	Disease resistance protein (NBS-LRR class), putative	1,049
Sb04g001810.1	TPS14 (TERPENE SYNTHASE 14); S-linalool synthase	1,044
Sb07g004130	NADH-ubiquinone oxidoreductase-related	1,032
Sb05g024070	RPM1 (RESISTANCE TO P. SYRINGAE PV MACULICOLA 1); nucleotide binding / protein binding	1,023
Sb01g044780	Intron maturase, type II family protein	1,022
Sb06g030880	UGT89B1 (UDP-GLUCOSYL TRANSFERASE 89B1)	1,015
Sb02g019380	FLA2 (FASCICLIN-LIKE ARABINOGALACTAN 2)	0,996
Sb07g014650	MKK3 (MITOGEN-ACTIVATED PROTEIN KINASE KINASE 3); MAP kinase kinase	0,961
Sb04g006090	ABC transporter family protein	0,919
Sb07g025390	Ankyrin repeat family protein	0,907
Sb04g037800	PIP1;4 (PLASMA MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 1;4); water channel	0,888
Sb02g003380	UBP8 (UBIQUITIN-SPECIFIC PROTEASE 8); ubiquitin thioesterase/ ubiquitin-specific protease	0,886
Sb07g004780	Octicosapeptide/Phox/Bem1p (PB1) domain-containing protein / tetratricopeptide repeat (TPR)-containing protein	0,869
Sb02g043410	IMPA-4 (IMPORTIN ALPHA ISOFORM 4); binding / protein transporter	0,868
Sb03g030240	AMSH-like ubiquitin thioesterase 2	0,854
Sb04g023260	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase cyclophilin-type family protein	0,852

-0,870

Sb03g025780	emb1789 (embryo defective 1789); nucleic acid binding / zinc ion binding	0,842
Sb02g032760	Regulator of chromosome condensation (RCC1) family protein	0,835
Sb01g044550	RABA4a (Rab GTPase homolog A4a); GTP binding	0,819
Sb02g030830	NYE1 (NON-YELLOWING 1)	0,815
Sb07g020740	Endonuclease/exonuclease/phosphatase family protein	0,787
Sb02g011950	URH1 (URIDINE-RIBOHYDROLASE 1); adenosine nucleosidase/ hydrolase/ inosine nucleosidase/ uridine nucleosidase	0,786
Sb01g044580	Alcohol dehydrogenase, putative	0,786
Sb04g031590	RVE2 (REVEILLE 2); DNA binding / transcription factor	0,772
Sb09g006935	DUF2358 family protein (DUF2358)	0,751
Sb09g018420	RAB18 (RESPONSIVE TO ABA 18)	0,725
Sb07g027680	DNA-binding bromodomain-containing protein	0,723
Sb04g031050	XTR4 (XYLOGLUCAN ENDOTRANSGLYCOSYLASE 4)	0,718
Sb01g027040	PTR2 (PEPTIDE TRANSPORTER 2)	0,705
Sb06g026580	RHA3A; protein binding / zinc ion binding	0,695
Sb09g028990	GBF3 (G-BOX BINDING FACTOR 3); sequence-specific DNA binding / transcription factor	0,693
Sb10g029990	InduzidoF0183 protein At3g51130 isoform X1	0,691
Sb03g007330	ENDO4 (endonuclease 4);	0,675
Sb10g021970	Initiator tRNA phosphoribosyl transferase family protein	0,674
Sb06g026686	Senescence-associated protein-related	0,659
Sb06g022820	Protein of unknown function, DUF584	0,651
Sb06g031350	LOX5; electron carrier/ iron ion binding	0,649
Sb02g007710	ILR1 (IAA-LEUCINE RESISTANT 1)	0,642
Sb01g000280	COP1-interacting protein-related	0,628

Sb02g008950	ATB1' GAMMA; poly(U) binding / protein phosphatase type 2A regulator	0,605	
Sb02g013010	MYB73 (MYB DOMAIN PROTEIN 73); DNA binding / transcription factor	0,596	-0,389
Sb09g001020	Protease inhibitor, putative	0,584	-0,551
Sb07g005840	AUGMIN subunit 2	0,568	
Sb08g004990	AAP3; amino acid transmembrane transporter	0,566	
Sb10g010710	Sister chromatid cohesion protein PDS5 homolog B-like isoform X1	0,542	
Sb04g034680	WCRKC1 (WCRKC THIOREDOXIN 1)	-0,526	
Sb01g019940	Myosin-binding protein 3	-0,564	
Sb01g019140	Pleckstrin homology (PH) domain-containing protein / lipid-binding START domain-containing protein	-0,578	
Sb02g000450	DDR GK domain-containing protein 1	-0,580	
Sb04g023270	CNX2 (COFACTOR OF NITRATE REDUCTASE AND XANTHINE DEHYDROGENASE 2); catalytic	-0,602	
Sb07g027330	Myosin heavy chain, non-muscle	-0,603	
Sb04g023700	UBP3 (UBIQUITIN-SPECIFIC PROTEASE 3); ubiquitin-specific protease	-0,612	
Sb01g046960	WAT1-related protein/auxina	-0,615	
Sb01g043790	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase cyclophilin-type family protein	-0,616	
Sb04g007880	CYP711A1; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding	-0,621	
Sb01g046640	High-affinity nickel-transport family protein	-0,622	
Sb03g000630	Seven in absentia (SINA) family protein	-0,623	
Sb07g003970	Band 7 family protein	-0,625	0,506
Sb01g009660	DPPD; Dipeptide transport ATP-binding protein	-0,628	
Sb03g008990	Unknown protein	-0,631	
Sb02g032300	PMI1 (PLASTID MOVEMENT IMPAIRED1)	-0,669	0,558
Sb03g027310	Alpha-amylase/ catalytic/ cation binding	-0,696	0,703
Sb02g010030	UDP-glucose:sterol glucosyltransferase (UGT80A2)	-0,701	

Sb10g028710	Reticulon family protein	-0,717	
Sb06g002240	Amino acid transporter family protein	-0,740	
Sb03g034970	Oxidoreductase	-0,749	
Sb04g023230	Pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein	-0,755	
Sb01g045900	O-fucosyltransferase family protein	-0,756	
Sb09g002030	Kinesin motor protein-related	-0,758	0,814
Sb07g023240	Sodium channel modifier 1-like isoform X4	-0,762	
Sb08g008340	Hypoxia-responsive family protein / zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein	-0,770	
Sb06g024490	L-asparaginase, putative / L-asparagine amidohydrolase, putative	-0,786	
Sb02g003600	Alpha/beta-Hydrolases sInduzidoerfamily protein	-0,787	
Sb01g014050	Nodulin MtN21 family protein	-0,788	
Sb04g020690	ATFP3; metal ion binding / transition metal ion binding	-0,788	
Sb09g025930	Mitotic phosphoprotein N\ end (MPPN) family protein	-0,789	
Sb04g021860	ELM1 (ELONGATED MITOCHONDRIA 1)	-0,796	
Sb01g032320	WAKL5 (wall associated kinase-like 5); kinase	-0,814	
Sb01g017830	F-box family protein	-0,818	0,810
Sb01g010870	Phosphate translocator-related	-0,827	
Sb03g031150	Transmembrane protein, putative	-0,833	
Sb01g005760	RHF2A (RING-H2 GROInduzido F2A); protein binding / zinc ion binding	-0,842	0,852
Sb06g030490	Protease inhibitor/seed storage/lipid transfer protein (LTP) family protein	-0,844	
Sb01g012240	PK: pyruvate kinase	-0,886	0,860
Sb06g030280	Programmed cell death 2 C-terminal domain-containing protein	-0,887	
Sb02g039030	emb1427 (embryo defective 1427); tubulin binding	-0,902	0,805
Sb07g007610	AHA3; ATPase/ hydrogen-exporting ATPase, phosphorylative mechanism	-0,903	

Sb01g043130	Disease resistance protein (NBS-LRR class), putative	-0,922	
Sb03g034710	Protein kinase family protein	-0,925	
Sb10g007440	Pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein	-0,950	
Sb02g036530	BRD4 (BROMODOMAIN 4); DNA binding	-1,003	
Sb01g003030	RLK (receptor lectin kinase); kinase	-1,003	
Sb05g006650	NADP-dependent oxidoreductase, putative	-1,044	
Sb01g041930	Clathrin adaptor complex small chain family protein	-1,113	1,078
Sb09g027240	Anaphase-promoting complex, subunit 10 family / APC10 family	-1,114	
Sb03g011770	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase sInduzidoerfamily protein	-1,146	
Sb10g030430	Sept9 (DUF616)	-1,150	1,065
Sb07g020260	Protein kinase family protein	-1,200	
Sb01g035120	IQD11 (IQ-domain 11); calmodulin binding	-1,208	
Sb03g045050	MES1 (METHYL ESTERASE 1); methyl indole-3- acetate esterase/ methyl jasmonate esterase/ methyl salicylate esterase	-1,225	
Sb01g004500	F-box/LRR-repeat protein 13-like isoform	-1,253	
Sb09g021650	Histone H3	-1,275	
Sb03g001770	unknown protein	-1,287	
Sb04g034060	Cell number regulator 1/Plant cadmium resistance 3	-1,301	1,228
Sb04g006990	SPX2 (SPX DOMAIN GENE 2)	-1,343	
Sb03g040470	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases sInduzidoerfamily protein isoform 2	-1,394	
Sb10g020420	Protein trichome birefringence-like 24	-1,528	
Sb02g039170	Transmembrane protein 87A	-1,664	
Sb09g007930	GCN5-related N-acetyltransferase (GNAT) family protein	-1,688	
Sb01g008040	Glycosyl hydrolase family 3 protein	-1,898	
Sb04g022677	ACR3; amino acid binding	-1,943	

Sb09g000730	ACT7 (ACTIN 7); structural constituent of cytoskeleton	-2,137	1,969
Sb04g022677.1	ACR3; amino acid binding	-1,943	
Sb01g008040.1	Glycosyl hydrolase family 3 protein	-1,898	
Sb01g009260	Unknown protein	Reprimido	Induzido
Sb01g030505	unknown protein	Reprimido	
Sb01g036750	Protease inhibitor/seed storage/lipid transfer protein (LTP) family protein	Reprimido	
Sb01g048380	LCR69 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor	Reprimido	
Sb02g003315	GCK domain-containing protein	Reprimido	Induzido
Sb02g028060	Heat shock protein 81-3	Reprimido	
Sb02g034313	ATP binding / protein kinase/ protein serine/threonine kinase	Reprimido	Induzido
Sb02g037790	Putative Zcf37, a zinc finger protein	Reprimido	
Sb03g005200	40S ribosomal protein	Reprimido	Induzido
Sb03g039910	Universal stress protein (USP) family protein	Reprimido	Induzido
Sb04g031090	COMPLEX 1 LYR-like protein	Reprimido	
Sb05g002460	Calmodulin, putative	Reprimido	
Sb06g016150	COPT1 (copper transporter 1); copper ion transmembrane transporter	Reprimido	
Sb06g022440	BGLU12 (BETA GLUCOSIDASE 12); catalytic/ cation binding / hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds	Reprimido	Induzido
Sb06g026630	senescence-associated protein-related	Reprimido	
Sb10g006470	Tail-anchored protein insertion receptor WRB	Reprimido	
Sb10g024360	ATP-dependent helicase/nuclease subunit	Reprimido	Induzido
Sb04g005610	bZIP transcription factor sInduzidoerfamily protein	2,764	
Sb03g008180	Probable receptor-like protein kinase	1,501	
Sb03g047153	Ubiquitin-protein ligase	1,477	
Sb09g003140.1	Agenet domain-containing protein	1,444	
Sb01g046810	DPB; protein binding / protein heterodimerization	1,323	

Sb09g021090	RNA recognition motif (RRM)-containing protein	1,299	
Sb03g005130	Bromodomain and WD repeat-containing protein 3-like	1,268	
Sb03g002850	Ribonuclease III family protein	1,202	
Sb04g000620	Beta-fructofuranosidase/Soluble acid invertase	1,199	
Sb09g026770	IQD31 (IQ-domain 31); calmodulin binding	1,078	
Sb10g024330	KH domain-containing protein / zinc finger (CCCH type) family protein	1,053	
Sb07g002320	F-box family protein	0,991	
Sb08g019540	Kelch repeat-containing F-box family protein	0,905	
Sb08g019540	GDP-Man:Man(3)GlcNAc(2)-PP-Dol alpha-1,2-mannosyltransferase	0,888	
Sb01g032240	Putative MYB DNA-binding domain slnduzidoerfamily protein	0,860	-0,792
Sb09g003060	RCI2A (RARE-COLD-INDUCIBLE 2A)	0,839	
Sb07g003460	LCBK1 (LONG-CHAIN BASE (LCB) KINASE 1); D-erythro-sphingosine kinase/ diacylglycerol kinase	0,830	
Sb01g043230	Ubiquitin-protein ligase	0,764	
Sb06g027200	RNA recognition motif (RRM)-containing protein	0,738	
Sb02g038220	Putative proline-, glutamic acid- and leucine-rich protein 1	0,722	
Sb02g029730	PTI1-like tyrosine-protein kinase 3	0,661	
Sb04g025360	Nucleotide-sugar transmembrane transporter/ sugar:hydrogen symporter	0,660	
Sb08g007130	DGK2 (Diacylglycerol kinase 2); diacylglycerol kinase	0,644	
Sb01g049540	OXA1L (INNER MEMBRANE PROTEIN OXA1-LIKE)	0,639	
Sb06g027820	LIG4; DNA ligase (ATP)/ protein binding	0,624	
Sb03g010330	MOS4 (Modifier of snc1,4)	0,608	
Sb10g030460	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein	0,605	
Sb10g007760	ANNAT7 (ANNEXIN 7)	0,598	
Sb02g032770	ALIS5 (ALA-Interacting Subunit 5)	0,587	

Sb02g011360	FC2 (FUS3-COMPLEMENTING GENE 2); kinase/ protein kinase	0,586	
Sb02g035390	VLN4 (VILLIN 4); actin binding	0,585	
Sb02g028780	MBD02 (METHYL-CPG-BINDING DOMAIN PROTEIN 02); DNA binding / DNA demethylase	0,580	0,974
Sb01g044810	SVP (SHORT VEGETATIVE PHASE); transcription factor/ translation repressor, nucleic acid binding	0,557	
Sb07g021320.1	MDH (MALATE DEHYDROGENASE)	0,535	
Sb01g018210.1	ATS2; 1-acylglycerol-3-phosphate O-acyltransferase/ acyltransferase	0,535	
Sb01g008740	Vacuolar protein sorting-associated protein 51 homolog	0,533	
Sb09g021870	Solute carrier family 35, member F1	0,517	
Sb09g003230	Phosphoglycerate/bisphosphoglycerate mutase family protein	0,516	
Sb09g024745	universal stress protein (USP) family protein	0,508	
Sb07g006280	Protein phosphatase 2C, putative / PP2C, putative	0,503	
Sb04g028980.1	RNA recognition motif (RRM)-containing protein	0,501	
Sb06g015310	ADT6 (arogenate dehydratase 6); arogenate dehydratase/ prephenate dehydratase	0,501	
Sb10g011810	Hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	0,498	
Sb08g019120	DGK1 (DIACYLGLYCEROL KINASE1); calcium ion binding / diacylglycerol kinase	0,497	
Sb02g026930	Carbonic anhydrase family protein / carbonate dehydratase family protein	0,495	
Sb08g017680	unknown protein	0,494	
Sb01g039940	DAR2 (DA1-RELATED PROTEIN 2); zinc ion binding	0,493	
Sb07g019220	Thioredoxin family protein	0,478	
Sb04g000400	Ribosomal protein S5 family protein	0,475	
Sb06g022490	BGLU47 (Beta-glucosidase 47); catalytic/ cation binding / hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds	0,475	
Sb04g001310	Immunophilin / FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	0,462	

Sb01g042280	Wall-associated receptor kinase-like 14	0,464
Sb09g030220	TTN7 (TITAN7); ATP binding / protein binding	0,458
Sb01g017770	DEAD/DEAH box helicase, putative	0,456
Sb07g023590	RNase H domain-containing protein	0,451
Sb02g021050	Protein phosphatase 2C, putative / PP2C, putative	0,448
Sb04g000230	PDIL1-4 (PDI-LIKE 1-4); protein disulfide isomerase	0,447
Sb02g034950	PDR11 (PLEIOTROPIC DRUG RESISTANCE 11); ATPase, colinduzidoled to transmembrane movement of substances	0,443
Sb03g023440	Pre-mRNA-processing protein 40A-like	0,428
Sb04g029300	OBP4; DNA binding / transcription factor	0,421
Sb02g004260	Leucine-rich repeat family protein / extensin family protein	0,419
Sb06g029510	SDA1 family protein	0,412
Sb05g003750	BLH1 (BEL1-LIKE HOMEODOMAIN 1)	0,402
Sb04g029440	Probable alkaline/neutral invertase D	0,401
Sb06g024240	Dihydroorotate dehydrogenase	0,400
Sb01g003490	Histidine acid phosphatase family protein	0,399
Sb01g015150	Nucleolar-like protein	0,396
Sb03g027830	Adaptin ear-binding coat-associated protein 1	0,386
Sb08g017710	ARG1 (ALTERED RESPONSE TO GRAVITY 1); cytoskeletal protein binding	0,383
Sb07g023630	unknown protein	0,379
Sb03g002380	BIN2 (BRASSINOSTEROID-INSENSITIVE 2); glycogen synthase kinase 3/ kinase/ protein kinase	0,377
Sb03g045540	unknown protein	0,369
Sb05g002890	TWD1 (TWISTED DWARF 1); FK506 binding / calmodulin binding / peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	0,366
Sb08g015250	Putative heat-inducible transcription repressor	0,360
Sb05g008470	Aspartyl protease family protein	0,359

Sb07g022950	DJ-1 family protein; Class I glutamine amidotransferase-like sInduzidoerfamily protein	0,358	-0,673
Sb02g010840	Phosphoglucosamine mutase family protein	0,353	
Sb03g047410	TGD2 (TRIGALACTOSYLDIACYLGLYCEROL2); lipid transporter/ phospholipid binding	0,351	
Sb09g025000	40S ribosomal protein S15 (RPS15D)	0,350	
Sb04g022410	SNRK2.4 (SNF1-RELATED PROTEIN KINASE 2.4); kinase	0,338	
Sb02g027330	Peroxidase 17 (PER17) (P17)	0,333	
Sb07g004820	COAB (4-phospho-panto-thenoylcysteine synthetase); catalytic/ phosphopantothenate--cysteine ligase	0,332	
Sb01g033580	F-box protein	0,332	
Sb01g028220	GRV2 (GRAVITROPISM DEFECTIVE 2); binding / heat shock protein binding	0,326	
Sb01g001080	Putative translation elongation/initiation factor family protein	0,320	
Sb09g020310	FAD/NAD(P)-binding oxidoreductase family protein	0,319	
Sb04g028270	DegP9 (DegP protease 9); catalytic/ protein binding / serine-type endopeptidase/ serine-type peptidase	0,319	
Sb02g037620	Mitochondrial transcription termination factor family protein / mTERF family protein	0,324	
Sb04g030240	LINC1 (LITTLE NUCLEI1)	0,315	
Sb09g030590	Eukaryotic translation initiation factor 2 family protein / eIF-2 family protein	0,313	
Sb02g022610	Elongation factor Ts	0,312	
Sb01g045810	Putative RPM1-interacting protein 4 (RIN4) family protein	0,311	
Sb10g000940	RNA recognition motif (RRM)-containing protein	0,311	
Sb06g030090	UBP1 interacting protein 2a (UBA2a)	0,310	
Sb04g000670	DExH-box ATP-dependent RNA helicase DExH12-like	0,309	
Sb02g003500	CPK2 (CALMODULIN-DOMAIN PROTEIN KINASE CDPK ISOFORM 2)	0,306	

Sb05g003020	Phosphoglycerate/bisphosphoglycerate mutase family protein	0,304	
Sb03g036910	40S ribosomal protein S25 (RPS25B)	0,302	
Sb01g033540	Uric acid degradation bifunctional protein TTL	0,297	
Sb04g000530	NOA1 (NO ASSOCIATED 1); GTPase/ nitric-oxide synthase	1,287	
Sb10g005100	CBL (cystathionine beta-lyase); cystathionine beta-lyase	0,292	
Sb04g003000	Cleavage and polyadenylation specificity factor (CPSF) A subunit protein	0,291	
Sb09g030650	TATA-binding protein-associated factor BTAF1	0,288	
Sb01g027540	Scpl6 (serine carboxypeptidase-like 6); serine-type carboxypeptidase	0,287	
Sb01g012500	Pleckstrin homology (PH) domain-containing protein	0,285	
Sb02g033620	Calmodulin binding / transcription regulator	0,274	
Sb08g021160	unknown protein	0,267	
Sb05g009500	Mitogen-activated protein kinase kinase kinase 3	0,264	
Sb04g037990	EMB2107 (EMBRYO DEFECTIVE 2107)	0,257	
Sb07g020090	AP2 domain-containing transcription factor, putative	0,256	
Sb01g041440	B-cell receptor-associated-like protein	0,250	
Sb08g001010	LACS6 (long-chain acyl-CoA synthetase 6); long-chain-fatty-acid-CoA ligase	0,239	
Sb01g014550	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase sInduzidoerfamily protein	0,242	-0,291
Sb04g022890	CLC-C (CHLORIDE CHANNEL C); anion channel/voltage-gated chloride channel	0,241	
Sb04g031270	Clathrin adaptor complexes medium subunit family protein	0,227	
Sb04g034520	EFE (ETHYLENE-FORMING ENZYME); 1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase	0,226	
Sb10g026520	FK506-binding protein 1 (FKBP13)	-0,234	
Sb02g004205	protein FATTY ACID EXPORT 5-like	-0,239	

Sb01g008560	ubiquinol-cytochrome C reductase complex ubiquinone-binding protein	-0,248	
Sb01g001140	AK-LYS1 (ASPARTATE KINASE 1); aspartate kinase	-0,255	
Sb04g011020	ATP binding / cAMP-dependent protein kinase regulator	-0,259	
Sb04g033040	CAT9 (CATIONIC AMINO ACID TRANSPORTER 9); cationic amino acid transmembrane transporter	-0,279	
Sb07g027870	NADH:ubiquinone oxidoreductase, ESSS subunit	-0,282	
Sb02g033970	UGLYAH (UREIDOGLYCINE AMINOHYDROLASE); transcription factor	-0,283	
Sb04g024890	Rhodanese-like domain-containing protein 11, chloroplastic	-0,288	
Sb01g041120	Clp amino terminal domain-containing protein	-0,290	
Sb01g044930	UDP-glucuronate:xylan alpha-glucuronosyltransferase 2	-0,290	
Sb10g021610	Peroxidase, putative	-0,296	
Sb04g006900	DUF4050 family protein	-0,309	
Sb02g036760	unknown protein	-0,315	
Sb02g030590	Homer protein	-0,316	
Sb03g042250	7S RNA binding	-0,318	
Sb10g002990	FATB (fatty acyl-ACP thioesterases B); acyl carrier/ acyl-[acyl-carrier-protein] hydrolase	-0,320	
Sb01g045490	Mitochondrial substrate carrier family protein	-0,329	
Sb03g008590	Protein EXECUTER 2, chloroplastic	-0,329	-0,459
Sb02g023820	Succinate dehydrogenase subunit 7, mitochondrial-like	-0,330	
Sb02g008130	ATPLDDELTA; phospholipase D	-0,332	
Sb05g025180	Phosphoserine phosphatase, chloroplastic-like isoform X2	-0,333	
Sb03g042910	4-coumarate--CoA ligase family protein / 4-coumaroyl- CoA synthase family protein	-0,341	
Sb03g011380	Somatic embryogenesis receptor kinase 2-like	-0,342	
Sb01g011780	Integral membrane HPP family protein	-0,346	

Sb10g005080	BSD domain-containing protein	-0,350
Sb04g026940	NIT4 (NITRILASE 4); 3-cyanoalanine hydratase	-0,350
Sb03g001750	DJ-1 family protein	-0,353
Sb03g009600	Insulin-induced protein	-0,355
Sb02g003910	O-Glycosyl hydrolases family 17 protein	-0,356
Sb1599s002010	CAM7 (CALMODULIN 7); calcium ion binding	-0,357
Sb02g034910	Protein LHCP TRANSLOCATION DEFECT	-0,363
Sb04g034710	Replication factor C 36 kDA, putative	-0,372
Sb09g011890	Rhodanese-like domain-containing protein	-0,375
Sb06g031070	Protein FATTY ACID EXPORT 2, chloroplastic	-0,380
Sb03g026470	MYB transcription factor	-0,384
Sb04g030010	Diacylglycerol acyltransferase family	-0,393
Sb06g024355	ATERF-1 (ETHYLENE RESPONSIVE ELEMENT BINDING FACTOR 1)	-0,394
Sb01g001600	60S ribosomal protein L17 (RPL17A)	-0,395
Sb04g010210	Dynein light chain, putative	-0,422
Sb02g037710	C2 domain-containing protein/Calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain) family protein	-0,432
Sb08g000420	CCR3 (CRINKLY4 RELATED 3); kinase	-0,433
Sb01g034390	PDK (PYRUVATE DEHYDROGENASE KINASE)	-0,451
Sb06g001370	D-isomer specific 2-hydroxyacid dehydrogenase family protein	-0,453
Sb08g018450	Complex 1 LYR protein	-0,466
Sb04g005150	Ribosomal RNA small subunit methyltransferase-like	-0,477
Sb06g020065	Ubiquitin-associated (UBA)/TS-N domain-containing protein	-0,490
Sb03g010450	unknown protein	-0,498
Sb03g034720	Putative proline-, glutamic acid- and leucine-rich protein 1-like	-0,500
Sb07g002320.1	Galactose oxidase/kelch repeat-containing F-box family protein	-0,517

Sb06g018270	Putative membrane protein	-0,527
Sb01g045680	AGT2 (ALANINE:GLYOXYLATE AMINOTRANSFERASE 2)	-0,527
Sb09g002460.1	MTPA1; efflux transmembrane transporter	-0,534
Sb10g002570	IMB1 (IMBIBITION-INDUCIBLE 1); DNA binding	-0,540
Sb03g041300	PPAT; PHOSPHORIBOSYL PYROPHOSPHATE AMIDOTRANSFERASE 1; amidophosphoribosyltransferase	-0,548
Sb01g018210	ATS2; 1-acylglycerol-3-phosphate O-acyltransferase/acyltransferase	-0,573
Sb03g003010	RNA methyltransferase family protein	-0,586
Sb02g026930.1	Carbonic anhydrase family protein / carbonate dehydratase family protein	-0,624
Sb01g046830	Ras-related small GTP-binding family protein	-0,645
Sb02g040800.1	Zinc knuckle (CCHC-type) family protein	-0,658
Sb03g026210	Transmembrane protein, putative/unknown	-0,677
Sb05g002790	Microfibrillar-associated protein 1-like	-0,700
Sb02g039370	SRF6 (STRUBBELIG-RECEPTOR FAMILY 6)	-0,702
Sb03g011700	Low temperature and salt-responsive protein LT16A	-0,716
Sb03g001910	Diron containing four-helix bundle family ferritin protein, putative (Protein of unknown function DUF455)	-0,752
Sb03g003720	Senescence-associated protein-related	-0,761
Sb01g046630	MCA1 (mid1-complementing activity 1)	-0,767
Sb03g000290	optic atrophy 3 protein homolog	-0,796
Sb01g028880	Lipase class 3 family protein	-0,807
Sb04g005700	Nucleolin	-0,816
Sb01g008100	Ferredoxin hydrogenase	-0,861
Sb06g033210	PSF1 (PARTNER OF SLD FIVE 1)	-0,872
Sb07g006080	SK20 (SKP1-LIKE 20); protein binding / ubiquitin-protein ligase	-0,874
Sb02g001620	F-box family protein	-0,885

-0,638

Sb01g015280	Na(+)-translocating NADH-quinone reductase subunit A	-0,909	
Sb04g002900	unknown protein	-0,933	
Sb06g017530	Polyadenylate-binding protein-interacting protein 7	-0,939	
Sb03g012960	Protein DETOXIFICATION 45	-0,954	
Sb10g003620	ATP binding / damaged DNA binding / nucleoside-triphosphatase/ nucleotide binding	-1,038	
Sb07g023630.1	unknown protein	-1,044	
Sb05g026940	Disease resistance protein RPP13; AltName: Full=Resistance to Peronospora parasitica protein 13	-1,077	
Sb10g009970	Protein kinase family protein	-1,080	
Sb07g028890	methyladenine glycosylase family protein	-1,124	
Sb06g026490	Histone H4	-1,158	
Sb09g026050	Cytochrome oxidase assembly protein	-1,192	
Sb01g035360	TLP3 (TUBBY LIKE PROTEIN 3); phosphoric diester hydrolase/ transcription factor	-1,245	1,560
Sb02g027260	UCC1 (UCLACYANIN 1); copper ion binding / electron carrier	-1,311	
Sb09g023220	PRA1.B2 (PRENYLATED RAB ACCEPTOR 1.B2)	-1,329	
Sb09g030530	Hypersensitive-induced response protein 1	-1,384	
Sb01g006950	Integral membrane protein, putative	-1,434	
Sb04g026910	PEX4 (PEROXIN4); protein binding / ubiquitin-protein ligase	-1,961	0,722
Sb04g030640	NCED4 (NINE-CIS-EPOXYCAROTENOID DIOXYGENASE 4)	-2,309	
Sb03g045590.1	RNA recognition motif (RRM)-containing protein	-2,527	
Sb01g001660	Late embryogenesis abundant family protein / LEA family protein	-5,344	0,378
Sb02g037925	unknown protein	Reprimido	
Sb07g004480	Terpene synthase/cyclase family protein		1,760
Sb01g049390	Unknown protein		1,512

Sb01g026850	tRNA-splicing endonuclease positive effector-related	1,281	
Sb03g043090	EXO70F1 (exocyst subunit EXO70 family protein F1); protein binding	1,278	
Sb08g000280	RNA recognition motif (RRM)-containing protein	1,257	
Sb08g002230	LURP-one-related 8	1,231	1,058
Sb04g001760	TPS14 (TERPENE SYNTHASE 14); S-linalool synthase	1,230	
Sb09g028300	MRH1 (morphogenesis of root hair 1); ATP binding	1,157	
Sb01g045030	Senescence-associated protein-related	1,122	
Sb02g003810	NAMT1; S-adenosylmethionine-dependent methyltransferase	1,105	
Sb09g006020	Glycoprotease M22 family protein	1,100	
Sb03g046520	Probable gamma-secretase subunit PEN-2	1,074	1,109
Sb01g036330	SAC52 (SInduzidoPRESSOR OF ACAULIS 52); structural constituent of ribosome	1,045	1,038
Sb08g002270	Heat-inducible transcription repressor	1,037	0,797
Sb07g004690	ATOMT1 (O-METHYLTRANSFERASE 1)	1,018	
Sb01g047105	protein SHOOT GRAVITROPISM 6	1,012	1,173
Sb05g021420	USP (UDP-SUGAR PYROPHOSPHORYLASE)	1,011	
Sb04g035050	GPI ethanolamine phosphate transferase 2 isoform X1	1,011	
Sb06g029890	Wound-responsive family protein	1,009	
Sb02g043220	Hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	0,981	0,557
Sb02g023650	HB-1 (HOMEODOMAIN 1); DNA binding	0,972	
Sb01g008710	Transducin family protein / WD-40 repeat family protein	0,959	
Sb06g004550	P4H-1 (P4H ISOFORM 1)	0,953	
Sb09g003050	RCI2A (RARE-COLD-INDUCIBLE 2A)	0,941	
Sb01g034790	Skin secretory protein xP2-like	0,913	
Sb02g020844	ASHH3 (HISTONE-LYSINE N-METHYLTRANSFERASE ASHH3); histone-lysine N-methyltransferase	0,913	1,124

Sb03g008730	Putative G patch domain-containing protein 4	0,907	
Sb04g023620	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein	0,895	
Sb07g006242	EMB1135 (embryo defective 1135); DNA binding / protein binding / zinc ion binding	0,893	
Sb01g038030	SAG20 (SENESCENCE ASSOCIATED GENE 20)	0,892	
Sb02g033850	CHR4 (CHROMATIN REMODELING 4); ATP binding	0,889	0,719
Sb04g008410	ER-ANT1 (ENDOPLASMIC RETICULUM-DENINE NUCLEOTIDE TRANSPORTER 1); ATP:ADP antiporter/ binding	0,877	
Sb09g030600	HAB2; catalytic/ protein serine/threonine phosphatase	0,861	0,718
Sb03g024480	SPX3 (SPX DOMAIN GENE 3)	0,799	
Sb06g024860	WD-40 repeat family protein / beige-related	0,799	
Sb10g003530	BRISC/BRCA1-A complex	0,783	
Sb03g034350	GC1 (Golgin Candidate 1)	0,731	
Sb10g027370	Glutamate receptor 3.4	0,722	
Sb08g001400	ZIFL1 (ZINC INDUCED FACILITATOR-like 1); tetracycline:hydrogen antiporter	0,698	
Sb04g031230	Zinc-binding family protein	0,691	
Sb03g004490	Universal stress protein (USP) family protein	0,683	
Sb01g045660	Unknown protein	0,658	
Sb10g030776	SBE2.2 (starch branching enzyme 2.2); 1,4-alpha-glucan branching enzyme	0,642	
Sb03g043100	EXO70F1 (exocyst subunit EXO70 family protein F1); protein binding	0,621	
Sb10g006640	Chalcone isomerase	0,619	0,606
Sb03g027880	Protein kinase family protein	0,612	
Sb02g022510	Sulfite exporter TauE/SafE family protein	0,608	
Sb06g024400	nudt8 (Nudix hydrolase homolog 8); hydrolase	0,608	
Sb01g047550	Tetratricopeptide repeat-like sInduzidoerfamily protein	0,591	
Sb02g036890	TIC (TIME FOR COFFEE)	0,578	

Sb01g049670	TIM9; P-P-bond-hydrolysis-driven protein transmembrane transporter	0,573	
Sb01g017460	Putative plastid-lipid-associated protein 10	0,566	0,435
Sb09g029610	APL2 (ADPGLC-PPASE LARGE SUBUNIT); glucose-1-phosphate adenylyltransferase	0,561	
Sb10g009140	Caleosin-related family protein	0,553	0,355
Sb07g024320	Monodehydroascorbate reductase, putative	0,537	
Sb10g023690	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like sInduzidoerfamily protein	0,537	
Sb02g041980	ERD15 (EARLY RESPONSIVE TO DEHYDRATION 15); protein binding	0,526	
Sb10g029510	Prephenate dehydrogenase family protein	0,510	
Sb04g001130	CAT1 (CATALASE 1); catalase	0,506	
Sb04g028110	Photosynthetic NDH subunit of subcomplex B 4 - NDF6 (NDH DEPENDENT FLOW 6)	-0,509	
Sb02g033120	CDSP32 (CHLOROPLASTIC DROUGHT-INDUCED STRESS PROTEIN OF 32 KD)	-0,535	
Sb01g039980	Fructose-1,6-bisphosphatase, putative / D-fructose-1,6-bisphosphate 1-phosphohydrolase, putative / FBPase, putative	-0,545	
Sb02g037130	Carboxyl-terminal peptidase precursor	-0,560	
Sb04g030080	Galactan beta-1,4-galactosyltransferase GALS1	-0,580	-0,500
Sb03g035850	Polyphenol oxidase, chloroplastic	-0,619	-0,369
Sb10g024980	InduzidoF0047 protein C4A8.02c-like	-0,628	
Sb06g024320	Armadillo/beta-catenin repeat family protein	-0,633	-0,529
Sb04g002360	Transcription factor HBP-1a-like	-0,641	
Sb01g049360	UDP-galactose transporter-related	-0,650	-0,503
Sb03g041230	Proton-dependent oligopeptide transport (POT) family protein	-0,652	
Sb03g026120	Protein phosphatase 2C family protein / PP2C family protein	-0,666	
Sb04g001080	Copper ion binding isoform 2	-0,714	-0,687
Sb07g007650	VPS34; 1-phosphatidylinositol-3-kinase	-0,741	-0,633

Sb01g043360	WPP1 (WPP domain protein 1)	-0,750	
Sb10g001110	Putative 5'-AMP-activated protein kinase subunit gamma-3, putative	-0,755	
Sb09g024220	NF-YC11 (NUCLEAR FACTOR Y, SUBUNIT C11); DNA binding / transcription factor	-0,765	
Sb05g025630	GSH2 (GLUTATHIONE SYNTHETASE 2); glutathione synthase	-0,788	
Sb04g022570	Tetratricopeptide repeat (TPR)-containing protein	-0,796	
Sb02g043280	ACHT4 (ATYPICAL CYS HIS RICH THIOREDOXIN 4); oxidoreductase	-0,819	1,550
Sb04g009870	PAI1 (PHOSPHORIBOSYLANTHRANILATE ISOMERASE 1); phosphoribosylanthranilate isomerase	-0,902	
Sb06g031750	Serine/threonine-protein kinase	-0,910	-0,751
Sb08g020920	TED3 (REVERSAL OF THE DET PHENOTYPE 3); protein binding / zinc ion binding	-0,925	
Sb04g022245	Ethylene-responsive element-binding protein, putative	-0,948	
Sb02g034590	Aconitate hydratase, cytoplasmic, putative / citrate hydro-lyase/aconitase, putative	-0,989	
Sb01g009350	Thioredoxin-like protein AAED1, chloroplastic	-0,991	
Sb01g018320	MEE12 (maternal effect embryo arrest 12)	-1,012	
Sb04g004550	UREF (urease accessory protein F); nickel ion binding	-1,019	
Sb08g002590	WRKY46; transcription factor	-1,022	
Sb10g006780	PANK2 (PANTOTHENATE KINASE 2); pantothenate kinase	-1,029	-1,114
Sb03g017630	Plastid-encoded RNA polymerase subunit beta	-1,051	
Sb01g004950	PHF1 (PHOSPHATE TRANSPORTER TRAFFIC FACILITATOR1); nucleotide binding	-1,066	
Sb03g034100	Glycosyl hydrolase family 17 protein	-1,094	
Sb02g012910	UCC1 (UCLACYANIN 1); copper ion binding / electron carrier	-1,138	
Sb02g006080	Putative elongation factor	-1,177	

Sb01g004990	Probable myosin-binding protein 6	-1,186		
Sb02g033070	EXLA1 (EXPANSIN-LIKE A1)	-1,248		
Sb01g005220	Agenet domain-containing protein	-1,291		
Sb04g001350	Protein trichome birefringence-like 12 isoform X1	-1,442		
Sb01g017680	Heavy-metal-associated domain-containing protein	Reprimido		Reprimido
Sb01g026455	Putative FBD-associated F-box	Reprimido		
Sb02g021120	Pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein	Reprimido		Reprimido
Sb02g031780	Auxin-responsive protein, putative	Reprimido		
Sb04g006763	Ribosomal protein L12 family protein	Reprimido		
Sb04g025710	CPuORF9 (Conserved peptide Induzidostream open reading frame 9)	Reprimido		
Sb05g002350	U4/U6.U5 small nuclear ribonucleoprotein 27 kDa protein/Splicing factor	Reprimido		Reprimido
Sb04g030355	Histone-lysine N-methyltransferase SUVR5 isoform X1		Induzido	
Sb05g001690	MIF1 (MINI ZINC FINGER 1); DNA binding / transcription factor		Induzido	
Sb05g003965	Putative endonuclease or glycosyl hydrolase		Induzido	Induzido
Sb06g021530	CPuORF11 (Conserved peptide Induzidostream open reading frame 11)		Induzido	
Sb07g027370	30S ribosomal protein S17/emb1129 (embryo defective 1129)		Induzido	
Sb07g029200	Putative arabinogalactan protein 1-like		Induzido	
Sb10g001040	F-box domain containing protein		Induzido	
Sb10g006790	Putative transmembrane protein		Induzido	
Sb03g026740	Anther 20		3,063	
Sb02g002773	F-box family protein		3,062	
Sb01g025600	Small heat shock protein, chloroplastic-like		2,871	
Sb02g036540	SRF3 (STRUBBELIG-RECEPTOR FAMILY 3); ATP binding / kinase/ protein serine/threonine kinase		2,781	3,723
Sb07g023170	Short-chain dehydrogenase/reductase (SDR) family protein		2,647	

Sb03g027720	Phospholipase/carboxylesterase family protein		2,645	
Sb02g031380	La domain-containing protein		2,616	
Sb01g035820	Putative Dipeptide transport ATP-binding protein dppF		2,613	
Sb04g029040	ALDH2B4 (ALDEHYDE DEHYDROGENASE 2B4)		2,423	
Sb06g016770	CSLB04; cellulose synthase/ transferase/ transferase, transferring glycosyl groInduzidos		2,387	
Sb01g018740	GRAM domain-containing protein / ABA-responsive protein-related		2,383	
Sb09g008080	Proline-rich family protein		2,381	
Sb10g000910	PYR6; cytidylate kinase/ uridylate kinase		2,381	
Sb04g002910	Putative ethylene responsive element binding factor 5		2,372	
Sb04g002420	Putative protein dimerization		2,357	
Sb01g022440	KDR (KIDARI); transcription regulator		2,351	
Sb04g037160.1	Phosphatidylinositol N-acetylglucosaminyltransferase subunit P-related		2,229	
Sb01g002190.1	Kelch repeat-containing protein		2,070	
Sb01g050250	BCAT-5; branched-chain-amino-acid transaminase/ catalytic		1,590	1,213
Sb06g014340	Protein kinase family protein		1,340	0,807
Sb04g029840	2-oxoglutarate (2OG) and Fe(II)-dependent oxygenase sInduzidoerfamily protein		1,299	
Sb06g026640	Putative rRNA 2'-O-methyltransferase fibrillar-like		1,257	
Sb09g025420	CIPK12 (CBL-INTERACTING PROTEIN KINASE 12)	1.02	1,191	
Sb02g032600	Trihelix transcription factor ASIL1		1,153	1,193
Sb03g043790	Trypsin-like cysteine/serine peptidase domain-containing protein		1,129	
Sb09g003680	SOX (SULFITE OXIDASE); sulfite oxidase		1,067	
Sb03g046110.1	NQR (NADPH:QUINONE OXIDOREDUCTASE); FMN reductase		1,051	
Sb04g016070	Unknown protein		1,024	
Sb02g037880	Haloacid dehalogenase-like hydrolase family protein		1,013	

Sb09g007340	RNA recognition motif (RRM)-containing protein	0,859	
Sb04g024530	Protein kinase family protein	0,843	
Sb01g011410	Putative 30 kDa salivary gland allergen Aed a 3	0,828	0,864
Sb01g006380	FRS5 (FAR1-related sequence 5); zinc ion binding	0,816	
Sb02g036360	F-box family protein	0,799	
Sb01g005460	Protein kinase family protein	0,796	
Sb08g017810	Calmodulin-binding protein	0,786	
Sb09g005020	Kinase interacting family protein	0,761	
Sb01g004750	Transcription initiation factor TFIID subunit	0,760	
Sb08g015570	Tropomyosin	0,759	
Sb06g021390	Short-chain dehydrogenase/reductase (SDR) family protein	0,759	
Sb03g037660	SUVH1 (SU(VAR)3-9 HOMOLOG 1); histone methyltransferase	0,736	
Sb01g032593	DEK domain-containing chromatin associated protein	0,721	
Sb07g021470	HB34 (HOMEODOMAIN PROTEIN 34); DNA binding / transcription factor	0,714	
Sb01g017330	Auxin-responsive family protein	0,711	
Sb06g015420	HDA9 (HISTONE DEACETYLASE 9); histone deacetylase	0,696	
Sb03g036120	TZP; DNA binding / nucleic acid binding / zinc ion binding	0,679	
Sb07g027020	MBD8; methyl-CpG binding	0,667	
Sb01g012330	leucine-rich repeat family protein	0,665	
Sb03g038390	Katanin p60 ATPase-containing subunit A1	0,665	
Sb08g023150	AATP1 (AAA-ATPase 1); ATP binding / ATPase/ nucleoside-triphosphatase/ nucleotide binding	0,654	
Sb09g028890	ISU1; structural molecule	0,637	
Sb08g003510	DCP1 (decapping 1); m7G(5')pppN diphosphatase/ protein homodimerization	0,633	
Sb06g033950	Tetratricopeptide repeat (TPR)-containing protein	0,617	

Sb03g003190	HXK1 (HEXOKINASE 1); ATP binding / fructokinase/ glucokinase/ hexokinase	0,608	
Sb01g026860	tRNA-splicing endonuclease positive effector-related	0,599	
Sb01g004800	RNA recognition motif (RRM)-containing protein	0,598	0,530
Sb03g046020	Ran GTPase binding / chromatin binding / zinc ion binding	0,590	
Sb01g019630	PTR3 (PEPTIDE TRANSPORTER 3); dipeptide transporter/ transporter/ tripeptide transporter	0,586	
Sb07g019390	Nucleic acid binding / nucleotide binding	0,586	
Sb01g035080	Glutaredoxin family protein	0,577	
Sb07g024330	CYP71 (CYCLOPHILIN71); chromatin binding / histone binding / peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	0,565	
Sb08g014040	Bidirectional sugar transporter SWEET12-like protein	0,564	
Sb07g023110	Alpha/beta-Hydrolases sInduzidoerfamily protein	0,559	
Sb03g032760	XIK; motor/ protein binding	0,557	
Sb01g030160	SMO1-1 (STEROL-4ALPHA-METHYL OXIDASE 1-1)	0,556	
Sb02g026170	KInduzido3 (K+ InduzidoTAKE TRANSPORTER 3); potassium ion transmembrane transporter	0,556	0,481
Sb09g025030	Pseudouridine synthase	0,552	
Sb04g027530	Toc64-III (translocon at the outer membrane of chloroplasts 64-III)	0,551	
Sb03g003200	PAP1 (PHYTOCHROME-ASSOCIATED PROTEIN 1); transcription factor	0,548	
Sb05g023720	Vacuole membrane protein KMS1	0,533	0,651
Sb07g003540	BSD domain (BTF2-like transcription factors, Synapse-associated proteins and DOS2-like proteins)	0,523	0,551
Sb01g010920	Phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase family protein	0,522	
Sb02g022933	APM1 (AMINOPEPTIDASE M1); aminopeptidase	0,510	
Sb04g024980	DIS1 (DISTORTED TRICHOMES 1); ATP binding / actin binding / protein binding / structural constituent of cytoskeleton	0,506	

Sb06g013020	Methyltransferase	0,489	
Sb01g003480	Cinnamoyl-CoA reductase family	-0,467	-0,361
Sb10g026070	PGDH (3-PHOSPHOGLYCERATE DEHYDROGENASE); phosphoglycerate dehydrogenase	-0,503	
Sb03g038450	VHS domain-containing protein / GAT domain-containing protein	-0,529	
Sb07g029120	Myosin-2 heavy chain-like	-0,534	
Sb07g006040	UTP--glucose-1-phosphate uridylyltransferase family protein	-0,535	
Sb03g004150	DOGT1 (DON-GLUCOSYLTRANSFERASE 1); UDP-glycosyltransferase/	-0,538	
Sb06g023940	Zinc finger (GATA type) family protein	-0,543	
Sb03g007230	XYL1 (ALPHA-XYLOSIDASE 1); alpha-N-arabinofuranosidase	-0,551	
Sb04g009230	SPDS3 (SPERMIDINE SYNTHASE 3); spermidine synthase/ spermine synthase	-0,555	
Sb10g000590	Myb family transcription factor	-0,557	
Sb04g004590	Protein-O-fucosyltransferase 1 isoform X1	-0,558	
Sb05g027510	Chloroplast nucleoid DNA-binding protein, putative	-0,568	
Sb08g004310	Ssu72-like family protein	-0,570	
Sb01g032530	Putative chaperone	-0,577	
Sb03g009540	PDE320 (PIGMENT DEFECTIVE 320)	-0,581	
Sb03g002610	Protein kinase family protein	-0,589	
Sb04g002270	Pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein	-0,607	
Sb02g029520	Cilia- and flagella-associated protein 20	-0,612	
Sb09g030450	RNA helicase, putative	-0,613	
Sb02g019530	ycf20-like protein	-0,630	-0,675
Sb06g018770	Loricrin-related	-0,639	
Sb07g025380	RNA-binding protein, putative	-0,642	
Sb09g000380	Copper ion binding	-0,643	
Sb04g026810	Pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein	-0,651	

Sb01g048100	LYM2 (LYSM DOMAIN GPI-ANCHORED PROTEIN 2 PRECURSOR)	-0,660	
Sb07g028550	WD-40 repeat family protein	-0,668	
Sb02g006980	AL2 (ALFIN-LIKE 2); DNA binding / methylated histone residue binding	-0,671	-0,721
Sb09g000540	RAB11C (RAB GTPASE 11C); GTP binding	-0,672	
Sb06g000230	Leucine-rich repeat transmembrane protein kinase, putative	-0,676	
Sb03g012340	Putative IGR motif protein	-0,677	
Sb01g006970	Lipoyltransferase, putative	-0,688	
Sb04g029360	tRNA (guanine(9)-N1)-methyltransferase-like protein	-0,689	
Sb01g028260	Zinc-binding family protein	-0,689	-0,495
Sb09g027250	Zinc ion binding	-0,692	
Sb06g024160	SUVH5 (SU(VAR)3-9 HOMOLOG 5); histone methyltransferase	-0,692	
Sb04g020550	Ankyrin repeat family protein	-0,696	
Sb03g013040	Esterase/lipase/thioesterase family protein	-0,726	
Sb10g023330.1	Elongation factor 1-alpha / EF-1-alpha	-0,758	-1,173
Sb10g000280	PUB14; ubiquitin-protein ligase	-0,768	
Sb04g026580	CNGC15; calmodulin binding / cation channel/ cyclic nucleotide binding	-0,773	
Sb01g045700.1	Kelch repeat-containing F-box family protein	-0,783	
Sb03g033830	UDP-glucuronosyl/UDP-glucosyl transferase family protein	-0,784	
Sb02g006110	Adenine phosphoribosyltransferase 1, chloroplastic - like protein	-0,812	
Sb02g028300	Basic helix-loop-helix (bHLH) family protein	-0,818	-0,772
Sb01g010980	Putative Spindle pole body-associated CIK1	-0,829	
Sb03g001113	SLAH3 (SLAC1 HOMOLOGUE 3); transporter	-0,830	
Sb05g001050	CIPK2 (CBL-INTERACTING PROTEIN KINASE 2); ATP binding	-0,833	1,540
Sb04g004840	URED (urease accessory protein D); nickel ion binding	-0,859	

Sb01g038485	PHD finger transcription factor, putative	-0,889	
Sb01g031180	HCF208 (HIGH CHLOROPHYLL FLUORESCENCE 208)	-0,893	
Sb03g039940	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein	-0,896	
Sb03g028220	Extra-large G-protein-like	-0,904	
Sb03g010180	Transmembrane protein 136-like	-0,934	
Sb03g034850	ETT (ETTIN); DNA binding / transcription factor	-0,943	
Sb05g021360	Phosphatidate cytidyltransferase, mitochondrial isoform X1	-1,092	
Sb06g030030	PDS3 (PHYTOENE DESATURASE 3); phytoene dehydrogenase	-1,158	
Sb01g044270	Yippee family protein	-1,166	
Sb02g005430	Forkhead-associated (FHA) domain-containing protein	-1,461	
Sb05g002100	4'-phosphopantetheinyl transferase family protein	-1,473	
Sb05g000510.1	MRH1 (morphogenesis of root hair 1); ATP binding	-1,775	
Sb01g010820.1	Leucine-rich repeat family protein / protein kinase family protein	-2,177	-2,497
Sb04g037160	Unknown protein	-2,211	
Sb07g028780	FLA1 (FASCICLIN-LIKE ARAB INOGALACTAN 1)	-2,596	
Sb01g035040	ANNAT3 (ANNEXIN 3); calcium ion binding / calcium-dependent phospholipid binding	-2,741	
Sb01g002600	Haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) sInduzidoerfamily protein		Reprimido
Sb01g002880	Transmembrane protein		Reprimido
Sb01g003005	Sugar transporter family protein		Reprimido
Sb01g019190	Putative transmembrane protein		Reprimido
Sb01g049800	Heavy-metal-associated domain-containing protein		Reprimido
Sb02g007070	MEE60 (maternal effect embryo arrest 60)		Reprimido
Sb02g021530	Sugar transport protein 14		Reprimido
Sb02g028100	Nucleolar GTP-binding protein-related		Reprimido
Sb02g033670	Vacuolar protein sorting-associated protein 32		Reprimido

Sb02g043720	CAMP-regulated phosphoprotein 19-related protein isoform 1	Reprimido	
Sb03g005056	Transcription initiation factor TFIID subunit 15b	Reprimido	
Sb03g014790	Electron carrier/ protein disulfide oxidoreductase	Reprimido	
Sb03g032160	AWPM-19-like membrane family protein	Reprimido	
Sb03g033415	Auxin-induced-related / indole-3-acetic acid induced-related	Reprimido	
Sb03g035200	Dynein light chain, putative	Reprimido	
Sb03g036960	DUF4228 domain protein	Reprimido	Reprimido
Sb03g047156	Ubiquitin-protein ligase/ BTB/POZ domain-containing protein FBL11 isoform X2	Reprimido	
Sb04g004413	Pentatricopeptide repeat-containing protein	Reprimido	
Sb04g006375	Unknown protein	Reprimido	
Sb04g021820	40S ribosomal protein S14 (RPS14C)	Reprimido	
Sb04g026800	B-block binding subunit of TFIIIC	Reprimido	
Sb04g028310	D-ribose-binding periplasmic protein	Reprimido	
Sb05g002655	GLDH (L-GALACTONO-1,4-LACTONE DEHYDROGENASE)	Reprimido	
Sb06g019355	Serine/threonine kinase protein, expressed protein, and RNA-dependent RNA polymerase (mop1)	Reprimido	
Sb06g031550	Unknown protein	Reprimido	
Sb07g021860	HMGA (HIGH MOBILITY GROInduzido A); DNA binding	Reprimido	
Sb09g002227	Protamine P1 family protein	Reprimido	
Sb10g022233	Cell division cycle and apoptosis regulator protein 1	Reprimido	
Sb01g017080	Unknown protein		Induzido
Sb02g032550	Probable protein phosphatase 2C 70		Induzido
Sb02g041244	Germinal-center associated nuclear protein (LOC101780072)		Induzido
Sb03g001335	DNA binding / protein dimerization		Induzido
Sb03g014720	Unknown protein		Induzido
Sb03g028810	Unknown protein		Induzido

Sb03g042377	Pectinacetylsterase family protein		Induzido
Sb03g046870	Unknown protein		Induzido
Sb04g009950	RSY3 (RASPBERRY 3); ATP binding / ligase, forming carbon-nitrogen bonds / nucleotide binding		Induzido
Sb04g032880	Protein NUCLEAR FUSION DEFECTIVE 6, chloroplastic/mitochondrial-like isoform X1		Induzido
Sb05g006540	F-box/LRR-repeat protein 12		Induzido
Sb05g025530	Unknown protein		Induzido
Sb06g019560	Heavy-metal-associated domain-containing protein		Induzido
Sb07g027785	ATMRP14; ATPase, colInduzidoled to transmembrane movement of substances		Induzido
Sb08g001490	Ubiquitin thiolesterase		Induzido
Sb08g017160	Glutaredoxin family protein		Induzido
Sb09g002005	Transmembrane protein		Induzido
Sb09g005560	Polyamine-modulated factor 1-binding protein		Induzido
Sb09g028340	Monothiol glutaredoxin-S11-like isoform X1		Induzido
Sb10g026366	ELM2 domain-containing protein / PHD finger family protein		Induzido
Sb03g032900	IQD31 (IQ-domain 31); calmodulin binding		2,056
Sb08g007750	CLPC1; ATP binding / ATP-dependent peptidase/ ATPase		1,994
Sb02g023430	ATPK3; ATP binding / kinase/ protein kinase/ protein serine/threonine kinase		1,861
Sb02g030490	Heat stress transcription factor B-2b (AT-HSFB2B); transcription factor/ transcription repressor		1,821
Sb10g023660	DUF4050 domain-containing protein		1,719
Sb10g023660.1	DUF4050 family protein	-1,283	-1,183
Sb08g004000	TLP1 (TUBBY LIKE PROTEIN 1); phosphoric diester hydrolase/ transcription factor		1,542
Sb01g028395	Bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein		1,539
Sb01g028395.1	Bromo-adjacent homology (BAH) domain-containing protein		-0,481

Sb03g030350	Aspartyl protease family protein	1,329
Sb10g001100	Putative F-box protein	1,325
Sb04g009170	Rhomboid family protein	1,260
Sb03g005166	AERO1 (reticulum oxidoreductins 1); FAD binding	1,192
Sb01g001360	Arginine decarboxylase-like	1,174
Sb09g027700	Transferase, transferring glycosyl groInduzidos	1,173
Sb10g028100	REV1; DNA-directed DNA polymerase	1,154
Sb01g006900	BTB/POZ domain-containing protein At3g50780-like	1,129
Sb03g002220	SCAR-like protein 2 isoform X1	1,108
Sb06g002250	APUM3 (Pumilio 3); RNA binding / binding	1,088
Sb10g004040	Lactoylglutathione lyase family protein / glyoxalase I family protein	1,084
Sb01g032710	NF-YA6 (NUCLEAR FACTOR Y, SUBUNIT A6); transcription factor	1,069
Sb07g006000	KInduzido10; potassium ion transmembrane transporter	1,066
Sb01g015040	BR6OX2 (BRASSINOSTEROID-6-OXIDASE 2); monooxygenase/ oxygen binding	0,972
Sb07g028300	Protein phosphatase 2C family protein / PP2C family protein	0,972
Sb03g037950	MOR1 (MICROTUBULE ORGANIZATION 1); microtubule binding	0,969
Sb03g031980	Catalytic/ pyridoxal phosphate binding	0,968
Sb06g033260	Autophagy 4b (APG4b)	0,954
Sb03g028460	Kinesin motor family protein	0,930
Sb10g003470	Putative Cysteine synthase, mitochondrial	0,916
Sb01g016120	MATE efflux family protein	0,908
Sb05g001550	APY2 (APYRASE 2); ATPase/ nucleotide diphosphatase	0,890
Sb02g031110	ARO1 (ARMADILLO REPEAT ONLY 1); binding	0,885
Sb07g005410	Polyphenol oxidase	0,860
Sb02g004070	Integral membrane transporter family protein	0,843

Sb07g027230	Ras guanine nucleotide exchange factor K	0,804
Sb04g035290	Protein kinase family protein	0,787
Sb07g024180	Calcium-binding EF hand family protein	0,763
Sb04g031180	SNARE associated Golgi protein family	0,761
Sb01g005910	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like sInduzidoerfamily protein	0,759
Sb10g013010	Galactan beta-1,4-galactosyltransferase GALS1	0,750
Sb01g005500	YTH domain-containing family protein 2	0,726
Sb02g041440	PWWP domain-containing protein	0,719
Sb09g027180	Transducin family protein / WD-40 repeat family protein	0,718
Sb05g022210	Glycosyl transferase family 29 protein / sialyltransferase family protein	0,709
Sb03g044530	GUT2; catalytic/ glucuronoxylan glucuronosyltransferase	0,709
Sb02g009070	F-box family protein	0,700
Sb01g028683	Pleckstrin homology (PH) domain-containing protein	0,682
Sb01g010290	Receptor-like kinase 1; ATP binding / kinase/ protein serine/threonine kinase	0,681
Sb04g037610	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein	0,674
Sb02g039210	GPI-anchored adhesin-like protein	0,674
Sb02g039040	Signal recognition particle-related / SRP-related	0,662
Sb03g032670	Mitochondrial processing peptidase beta subunit, putative	0,650
Sb01g033670	Integral membrane family protein / nodulin MtN21-related	0,650
Sb01g011920	ATB\ BETA; protein phosphatase type 2A regulator	0,650
Sb10g010010	NIK1 (NSP-INTERACTING KINASE 1); kinase	0,616
Sb04g020240	60S ribosomal protein L35 (RPL35D)	0,614
Sb06g028050	CXIP4 (CAX INTERACTING PROTEIN 4); nucleic acid binding / zinc ion binding	0,599
Sb10g023910	Serine/arginine repetitive matrix protein 2	0,589

Sb03g043950	Hydrolase, alpha/beta fold family protein	0,587
Sb09g000240	Unknown protein	0,586
Sb06g025950	Major Facilitator SInduzidoerfamily with SPX (SYG1/Pho81/XPR1) domain-containing protein	0,585
Sb03g002650	Thioredoxin sInduzidoerfamily protein	0,576
Sb03g036240	Vps51/Vps67 family (components of vesicular transport) protein	0,568
Sb03g013410	Golgi apparatus membrane protein-like protein ECHIDNA	0,563
Sb02g040120	40S ribosomal protein S9 (RPS9C)	0,554
Sb04g022720	SPIa/Ryanodine receptor (SPRY) domain-containing protein	0,551
Sb02g032390	Protein binding / zinc ion binding	0,549
Sb10g022820	HD1 (HISTONE DEACETYLASE 1); basal transcription repressor/ histone deacetylase/ protein binding	0,548
Sb01g045240	Lipoxygenase, putative	0,542
Sb08g017250	CAP-Gly domain-containing linker protein 1 isoform X1	0,536
Sb09g028450	Transcriptional factor B3 family protein / auxin-responsive factor AUX/IAA-like protein	0,535
Sb04g024360	Phosphoinositide binding	0,524
Sb04g035500	Amino acid transporter family protein	0,520
Sb09g020850	SCL1 (SCARECROW-LIKE 1); transcription factor	0,510
Sb02g026570	ABF3 (ABSCISIC ACID RESPONSIVE ELEMENTS-BINDING FACTOR 3)	0,510
Sb02g006770	KH domain-containing protein	0,508
Sb04g036370	Methyltransferase	0,497
Sb03g016191	Cyclin family protein	0,494
Sb03g027860	Transferase family protein	0,490
Sb06g019970	Telomere repeat-binding protein 5	0,489
Sb10g003550	Nucleophosmin	0,486

Sb01g015320	Forkhead-associated domain-containing protein / FHA domain-containing protein	0,483
Sb01g043400	NRAMP2; inorganic anion transmembrane transporter/ metal ion transmembrane transporter	0,476
Sb01g016100	MATE efflux family protein	0,471
Sb02g041640	WD-40 repeat family protein	0,469
Sb02g005900	Lipid transfer protein-related	0,456
Sb08g017020	2,3-biphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase-related / phosphoglyceromutase-related	0,455
Sb03g013120	Transducin family protein / WD-40 repeat family protein	0,454
Sb09g018500	Protein kinase family protein	0,452
Sb03g000480	CT-BMY (CHLOROPLAST BETA-AMYLASE); beta-amylase	0,451
Sb08g014070	GRAM domain-containing protein / ABA-responsive protein-related	0,450
Sb06g000640	Oxidoreductase family protein	0,449
Sb01g010610	Oxidoreductase, acting on the CH-CH group of donors	0,447
Sb01g037760	emb1967 (embryo defective 1967)	0,446
Sb09g022300	PRA1.A1 (PRENYLATED RAB ACCEPTOR 1.A1)	0,444
Sb03g026720	Coatomer subunit beta'-1	0,441
Sb03g041550	PHD finger family protein	0,439
Sb06g014360	DNA-directed RNA polymerase III RPC4 family protein	0,439
Sb09g003430	Probable ATP-dependent DNA helicase (CHR12)	0,438
Sb09g020610	AL6 (ALFIN-LIKE 6); DNA binding / methylated histone residue binding	0,437
Sb01g024850	CASP-like protein	0,426
Sb03g017150	Oxidoreductase, 2OG-Fe(II) oxygenase family protein	0,419
Sb02g027270	Unknown protein	0,411
Sb03g030370	Putative DUF1296 domain containing family protein	0,410

Sb10g024400	ARID/BRIGHT DNA-binding domain-containing protein	0,405
Sb03g038960	IQD3 (IQ-domain 3); calmodulin binding	0,392
Sb07g028660	Nucleotide binding	0,384
Sb0598s002020	Beta-adaptin, putative	0,382
Sb03g025500	InduzidoF0587 protein C1orf123 homolog	0,381
Sb05g008650	bZIP family transcription factor	0,379
Sb08g004880	SAPX (STROMAL ASCORBATE PEROXIDASE); L-ascorbate peroxidase	0,374
Sb05g022230	RHF2A (RING-H2 GROInduzido F2A); protein binding / zinc ion binding	0,372
Sb03g027110	Nuclear RNA-binding protein (RGGA)	0,366
Sb01g001040	U2A' (U2 small nuclear ribonucleoprotein A); protein binding	0,357
Sb01g020820	DNA binding / sequence-specific DNA binding	0,354
Sb06g016990	ATPDIL5-2 (PDI-LIKE 5-2); protein disulfide isomerase	0,349
Sb03g040810	Uricase / urate oxidase / nodulin 35, putative	0,348
Sb06g031540	PEL1 (PELOTA); translation release factor	0,347
Sb01g029070	Autophagy-related protein 3	0,345
Sb01g035510	ABH1 (ABA HYPERSENSITIVE 1); RNA cap binding	0,339
Sb09g018670	Putative DNA topoisomerase 4 subunit B (DUF810)	0,335
Sb03g028400	Ceramidase family protein	0,332
Sb06g033360	Pre-mRNA cleavage factor Im 25 kDa subunit 2	0,331
Sb04g000240	Hip1 (Hsp70-interacting protein 1); binding	0,329
Sb07g000320	Nicalin-like isoform X1	0,329
Sb09g029780	RNA binding / nucleic acid binding / nucleotide binding	0,328
Sb02g004930	Glycine-rich RNA-binding protein	0,319
Sb03g046750	40S ribosomal protein S10 (RPS10C)	0,310
Sb05g020380	RBOHD (RESPIRATORY BURST OXIDASE HOMOLOGUE D); NAD(P)H oxidase	0,320

Sb01g004700	Besicle-associated membrane protein 721-like	0,296
Sb02g028770	POM1 (POM-POM1); chitinase	0,291
Sb09g018800	mtACP2 (mitochondrial acyl carrier protein 2); acyl carrier/ metal ion binding	0,287
Sb03g035370	Glycerophosphoryl diester phosphodiesterase family protein	0,274
Sb04g004030	Chaperonin, putative	0,273
Sb07g003680	NRPB1 (RNA POLYMERASE II LARGE SUBUNIT); DNA binding / DNA-directed RNA polymerase	0,273
Sb04g005240	Calmodulin-binding protein	0,270
Sb09g030830	CCT motif family protein	0,261
Sb07g022750	NIA2 (NITRATE REDUCTASE 2); nitrate reductase (NADH)/ nitrate reductase	0,260
Sb01g034930	CYP93D1; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding	0,258
Sb03g014690	Esterase/lipase/thioesterase family protein	0,244
Sb09g022040	COI1 (CORONATINE INSENSITIVE 1); protein binding / ubiquitin-protein ligase	-0,267
Sb09g029860	Late embryogenesis abundant protein, putative / LEA protein, putative	-0,281
Sb08g017000	ACP4 (acyl carrier protein 4); acyl carrier	-0,287
Sb03g039480	TPI (TRIOSEPHOSPHATE ISOMERASE); triose-phosphate isomerase	-0,296
Sb04g025625	Iron-stress related protein	-0,298
Sb01g041320	ACBP2 (ACYL-COA BINDING PROTEIN ACBP 2); acyl-CoA binding / lead ion binding	-0,298
Sb01g031160	Oxidoreductase, 2OG-Fe(II) oxygenase family protein	-0,299
Sb09g022820	InduzidoL4; ubiquitin-protein ligase	-0,310
Sb04g001480	RK3 (RECEPTOR KINASE 3); kinase/ transmembrane receptor protein serine/threonine kinase	-0,312
Sb03g037470	Plectin-related	-0,319
Sb06g024410	DeSI-like protein At4g17486	-0,322

Sb02g042010	Protein binding / zinc ion binding	-0,324
Sb0010s016080	SIG2 (RNA POLYMERASE SIGMA SUBUNIT 2); DNA binding / DNA-directed RNA polymerase/ sigma factor/ transcription factor	-0,328
Sb09g020940	40S ribosomal protein S12 (RPS12C)	-0,330
Sb01g007650	Protein Asterix	-0,331
Sb07g024290	FAR1 (FATTY ACID REDUCTASE 1)	-0,333
Sb05g020390	30S ribosomal protein S7	-0,333
Sb02g042030	NOP56 (homolog of nucleolar protein Nop56)	-0,337
Sb04g002490	Hydrolase, acting on ester bonds	-0,338
Sb10g000380	DNA-binding protein-related	-0,338
Sb02g033540	Small G protein family protein / RhoGAP family protein	-0,343
Sb09g025790	ATTPS1 (TREHALOSE-6-PHOSPHATE SYNTHASE)	-0,346
Sb07g025140	RBL2 (Rhomboid-like 2); serine-type endopeptidase	-0,347
Sb03g037100	Protein CHLOROPLAST ENHANCING STRESS TOLERANCE	-0,350
Sb10g028920	HMA2; cadmium-transporting ATPase	-0,355
Sb01g034480	PAS1 (PASTICCINO 1); FK506 binding / binding / peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	-0,358
Sb06g032460	PAO4 (POLYAMINE OXIDASE 4); amine oxidase/ polyamine oxidase	-0,361
Sb02g029400	60S ribosomal protein L7A (RPL7aB)	-0,363
Sb03g027670	GDSL-motif lipase/hydrolase family protein	-0,364
Sb02g020860	LPP2 (LIPID PHOSPHATE PHOSPHATASE 2); acid phosphatase/ phosphatidate phosphatase	-0,365
Sb04g024320	RABB1C (ARABIDOPSIS RAB GTPASE HOMOLOG B1C); GTP binding / GTPase	-0,368
Sb01g044710	GEM (GL2-EXPRESSION MODULATOR)	-0,373
Sb08g020580	Indoleacetic acid-induced protein 16 (IAA16); transcription factor	-0,378
Sb01g033900	SAP domain-containing protein	-0,378

Sb01g004880	Unknown protein	-0,380
Sb06g033090	Rubisco accumulation factor 1	-0,388
Sb09g027750	QSOX2 (quiescin-sulfhydryl oxidase 2); thiol oxidase	-0,392
Sb07g002550	AAE14 (Acyl-Activating Enzyme 14); AMP binding / o-succinylbenzoate-CoA ligase	-0,396
Sb04g033010	Protein kinase family protein	-0,398
Sb04g009590	Small nuclear ribonucleoprotein family protein / snRNP family protein	-0,400
Sb03g027040	LHCB1; chlorophyll binding	-0,406
Sb01g049380	Uncharacterized protein At4g37920, chloroplastic-like	-0,408
Sb04g006120	LYC (LYCOPENE CYCLASE); lycopene beta cyclase	-0,413
Sb06g031980	ATP binding / aminoacyl-tRNA ligase/ leucine-tRNA ligase/ nucleotide binding	-0,420
Sb01g009610	Calcineurin-like phosphoesterase family protein	-0,421
Sb06g029540	BAN (BANYULS); oxidoreductase	-0,421
Sb01g032340	Band 7 family protein	-0,422
Sb01g040920	LCB1 (LONG-CHAIN BASE1); protein binding / serine C-palmitoyltransferase	-0,426
Sb02g022940	Chloroplastic groInduzido IIA intron splicing facilitator CRS1, chloroplastic isoform X1	-0,429
Sb06g030910	L-asparaginase, putative / L-asparagine amidohydrolase, putative	-0,436
Sb03g041970	Transmembrane protein	-0,436
Sb03g028740	MPK20; MAP kinase	-0,447
Sb02g023710	CDF1 (CELL GROWTH DEFECT FACTOR 1)	-0,449
Sb06g016230	Harpin-induced family protein / HIN1 family protein / harpin-responsive family protein	-0,454
Sb02g040800	Zinc knuckle (CCHC-type) family protein	-0,460
Sb03g011420	F-box family protein	-0,460
Sb09g029060	1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase	-0,461
Sb02g029920	C2 domain-containing protein / GRAM domain-containing protein	-0,462

Sb03g004230	GRX4 (GLUTAREDOXIN 4); metal ion binding	-0,475
Sb05g006860	Leucine-rich repeat family protein / protein kinase family protein	-0,479
Sb06g016860	Subtilase family protein	-0,498
Sb01g020270	Putative calcium ion-binding protein	-0,500
Sb06g029560	BAN (BANYULS); oxidoreductase	-0,508
Sb02g023810	Protein PLASTID REDOX INSENSITIVE 2	-0,509
Sb06g025730	Protein binding / ubiquitin-protein ligase/ zinc ion binding	-0,511
Sb05g019560	Chromophore lyase CRL, chloroplastic (CRUMPLED LEAF)	-0,520
Sb03g045220	Lipase class 3 family protein	-0,521
Sb10g007600	23.5 kDa mitochondrial small heat shock protein (HSP23.5-M)	-0,536
Sb09g007170	Per1-like family protein	-0,542
Sb10g028360	Lipase, putative	-0,542
Sb06g032590	Integral membrane metal-binding family protein	-0,542
Sb04g002920	Probable polyamine aminopropyl transferase	-0,546
Sb01g031850	DUF1230 family protein (DUF1230)	-0,553
Sb03g046900	Zinc finger protein, putative / regulator of chromosome condensation (RCC1) family protein	-0,556
Sb06g006110	Probable carbohydrate esterase	-0,568
Sb03g012600	Phospholipid/glycerol acyltransferase family protein	-0,572
Sb09g024400	ERF9 (ERF DOMAIN PROTEIN 9); DNA binding / transcription factor/ transcription repressor	-0,588
Sb03g030590	VCL1 (VACUOLELESS 1)	-0,589
Sb03g028160	Glycosyl hydrolase family 18 protein	-0,593
Sb07g005560	F-box family protein (FBL20)	-0,593
Sb10g026530	Protein kinase, putative	-0,599
Sb03g017600	Photosystem II CP47 reaction center protein;PsbB	-0,613
Sb07g023860	C2 domain-containing protein	-0,615

Sb06g016660	COP9 (CONSTITUTIVE PHOTOMORPHOGENIC 9); metalloendopeptidase/ protein binding	-0,617
Sb10g022990	Hemoglobin-like protein (GLB3); oxygen transporter	-0,628
Sb04g002260	Phosphatidate cytidyltransferase family protein	-0,643
Sb02g033680	FUS5 (FUSCA 5); MAP kinase kinase	-0,644
Sb10g023720	Phosphatidic acid phosphatase-related / PAP2-related	-0,656
Sb08g019300	CAS1 (cycloartenol synthase 1); cycloartenol synthase	-0,662
Sb04g029170	NIK1 (NSP-INTERACTING KINASE 1); kinase	-0,685
Sb07g027500	Oxygen-evolving complex-related	-0,690
Sb10g005970	CNGC17; calmodulin binding / cyclic nucleotide binding / ion channel	-0,700
Sb05g023210	Putative F-box protein	-0,709
Sb04g037880	DNA-binding family protein	-0,738
Sb03g014370	LPA1 (LOW PSII ACCUMULATION1); binding	-0,742
Sb02g027220	Protein binding / zinc ion binding	-0,744
Sb02g035200	RP1 (PPDK REGULATORY PROTEIN); phosphoprotein phosphatase/ protein kinase	-0,752
Sb10g024200	C2 domain-containing protein	-0,764
Sb01g038640	IRX9 (IRREGULAR XYLEM 9); transferase, transferring glycosyl groInduzidos / xylosyltransferase	-0,766
Sb04g036990	NMNAT (nicotinate/nicotinamide mononucleotide adenytransferase)	-0,778
Sb01g023190	Subtilase family protein	-0,800
Sb01g002210	ETFALPHA (electron transfer flavoprotein alpha); FAD binding / electron carrier	-0,858
Sb06g027960	YTH domain-containing family protein 2	-0,883
Sb03g031550	IST1 -like protein	-0,903
Sb01g030980	GSTU18 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 18); glutathione transferase	-0,908
Sb01g029800	Protein kinase family protein / U-box domain-containing protein	-0,918

Sb01g007790	AP1 (APETALA1); DNA binding	-0,924
Sb04g026420	GLTP1 (glycolipid transfer protein 1); glycolipid binding / glycolipid transporter	-0,941
Sb07g021270	Unknown protein	-1,029
Sb05g019540	ARF2 (AUXIN RESPONSE FACTOR 2); protein binding / transcription factor	-1,033
Sb10g022560	Polyphosphatidylinositol phosphatase	-1,079
Sb10g022810	Transmembrane protein	-1,082
Sb06g026100	Ubiquitin fusion degradation UFD1 family protein	-1,133
Sb03g041680	Pectinesterase family protein	-1,135
Sb03g029190	CA2 (CARBONIC ANHYDRASE 2); carbonate dehydratase/ zinc ion binding	-1,142
Sb02g028850	Lipid-binding serum glycoprotein family protein	-1,200
Sb02g027630	D6PKL2 (D6 PROTEIN KINASE LIKE 2); kinase	-1,241
Sb09g017150	60S ribosomal protein L29 (RPL29B)	-1,372
Sb03g002200	ATRAD51C; ATP binding / damaged DNA binding / protein binding / recombinase/ single-stranded DNA binding	-1,388
Sb04g008530	RPL16A; structural constituent of ribosome	-1,415
Sb02g032310	Mitochondrial substrate carrier family protein	-1,445
Sb07g024140	VAMP727 (VESICLE-ASSOCIATED MEMBRANE PROTEIN 727)	-1,565
Sb02g025077	Chaperone protein dnaJ-related	-1,982
Sb06g023690	Probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase	-2,033
Sb01g037360	Putative FIP1[III]-like protein	-2,038
Sb01g035495	Zinc ion binding	-2,038
Sb03g027360	BAT1 (BIDIRECTIONAL AMINO ACID TRANSPORTER 1); amino acid transmembrane transporter	-2,039
Sb10g023420	HY5 (ELONGATED HYPOCOTYL 5); DNA binding / double-stranded DNA binding / transcription factor	-2,039
Sb02g000763	DDB1- and CUL4-associated factor 4	-2,045

Sb09g004570	GDSL-motif lipase/hydrolase family protein	-2,048
Sb04g022785	Two-component response regulator ORR2-like	-2,053
Sb08g002293	Unknown protein	-2,054
Sb06g013820	Transmembrane protein	-2,056
Sb03g035860	Protein LURP-one-related 5	-2,354
Sb03g026170	WRKY50; transcription factor	-2,355
Sb04g036740	Alpha-(1,6)-fucosyltransferase	-2,355
Sb01g003580	Protein LURP-one-related 15-like	-2,355
Sb06g006001	Kinesin light chain 3	-2,360
Sb07g015130	Putative thiamine-phosphate synthase 2	-2,363
Sb02g007410	LCR69 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor	-2,366
Sb01g007020	Putative transcription factor KAN4	-2,368
Sb08g005590	Lectin protein kinase, putative	-2,623
Sb05g000510	MRH1 (morphogenesis of root hair 1); ATP binding	-2,756
Sb08g000980	Peroxidase, putative	-2,841
Sb01g009933	Protein kinase, putative	Reprimido
Sb02g003400	Telomere-capping, CST complex subunit	Reprimido
Sb02g012336	Cleavage and polyadenylation specificity factor subunit 2, transcript variant X1	Reprimido
Sb02g028968	DNA binding / protein dimerization	Reprimido
Sb03g005750	Transmembrane protein	Reprimido
Sb03g026620	DNA binding	Reprimido
Sb03g033610	Unknown protein	Reprimido
Sb03g038770	Zinc finger (HIT type) family protein	Reprimido
Sb04g017770	PSRP5 (PLASTID-SPECIFIC 50S RIBOSOMAL PROTEIN 5)	Reprimido
Sb06g021590	Enhancer of rudimentary-like protein	Reprimido
Sb09g001176	PGR5-like protein 1B, chloroplastic	Reprimido
Sb09g006920	Unknown protein	Reprimido

Sb09g026480	Unknown protein					Reprimido
Sb10g010410	Protein of unknown function, DUF538					Reprimido
Sb10g026270	Transmembrane protein (DUF872)					Reprimido
Sb10g028036	Cysteine-rich receptor-like protein kinase 10					Reprimido
Sb10g007590	HSP23.6-MITO (MITOCHONDRION-LOCALIZED SMALL HEAT SHOCK PROTEIN 23.6)		2,560			
Sb10g030390	Plastocyanin-like domain-containing protein / mavicyanin, putative					Reprimido
Sb02g025910	Serine/threonine-protein kinase RIPK		1,386		1,244	
Sb01g048720	ELM2 domain-containing protein / PHD finger family protein	1,521				-2,122
Sb01g039850	Fringe-related protein/Beta-1,3-N-acetylglucosaminyltransferase lunatic fringe		1,344		1,443	
Sb03g030460	NLI interacting factor (NIF) family protein	1,324			1,390	2,532
Sb03g030460.1	NLI interacting factor (NIF) family protein	-1,214				-1,122
Sb04g005510	CCR1 (CINNAMOYL COA REDUCTASE 1); cinnamoyl-CoA reductase		1,275		1,575	1,246
Sb01g001615	FRS8 (FAR1-related sequence 8); zinc ion binding		1,264		1,069	
Sb02g036650	CYP51G1 (CYTOCHROME P450 51G1); oxygen binding / sterol 14-demethylase		1,251		1,338	0,746
Sb01g002190	Kelch repeat-containing protein		1,250		1,449	-1,647
Sb09g018630	ERF1-2 (EUKARYOTIC RELEASE FACTOR 1-2); translation release factor	0,827	1,244		1,023	
Sb3219s002010	CHIB (BASIC CHITINASE); chitinase	0,737	1,235		1,194	
Sb06g000790	Sulfur-rich/thionin-like protein	0,630	1,227		1,133	0,499
Sb03g007850.1	Sarcoplasmic reticulum histidine-rich calcium-binding protein		1,221			1,268
Sb08g019850	Phragmoplast orienting kinesin 2 isoform X2		1,211		0,944	
Sb01g039890	Protein phosphatase 2C, putative / PP2C, putative	1,490	1,196			
Sb02g005600	AAA-type ATPase family protein/P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases sInduzidoerfamily protein		1,181		0,957	0,690
Sb10g022470	Cytochrome P450, family 79, subfamily B		1,162			

Sb02g007220	Ricin		1,150	1,477	1,070	
Sb02g011210	Dehydrololichyl diphosphate synthase, putative / DEDOL-PP synthase, putative		1,140	1,146		
Sb02g003520	Aminotransferase-related		1,114	1,312	0,686	
Sb02g007740	Jacalin lectin family protein	1,160	1,086			
Sb02g038890	Translation initiation factor IF-2-like		1,081	1,001		
Sb04g008530	RPL16A; structural constituent of ribosome		1,042		-0,847	
Sb05g026990	PLP4 (PATATIN-LIKE PROTEIN 4); nutrient reservoir	0,664	1,039	1,282	0,614	
Sb03g030860	ATP synthase protein I -related		1,023	1,340		
Sb04g001810	TPS14 (TERPENE SYNTHASE 14); S-linalool synthase		1,021	1,315	0,950	
Sb09g001420	Lipase class 3 family protein		1,021	1,126	0,586	
Sb08g018720	Osmotin-like protein, putative	0,704	1,009	0,894		
Sb03g046110	NQR (NADPH:QUINONE OXIDOREDUCTASE); FMN reductase		1,001	0,959	-2,223	
Sb06g015400	Calcineurin-like phosphoesterase family protein		0,982	0,882		
Sb07g021840	Hyphally-regulated protein-like		0,980	1,393	1,103	
Sb06g031160	FRS6 (FAR1-related sequence 6); zinc ion binding	0,910	0,953			
Sb06g028210	GA2 (GA REQUIRING 2); ent-kaurene synthase		0,946	1,283	0,953	
Sb07g020100	Trehalose-6-phosphate phosphatase, putative	0,588	0,933	0,799		
Sb06g000653	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein	0,498	0,931	1,226	0,723	
Sb08g018780	Flavonoid 3'-monooxygenase/ oxygen binding; CYP75B1	0,559	0,910	1,000		
Sb01g042270	AOS (ALLENE OXIDE SYNTHASE); allene oxide synthase/ hydro-lyase/ oxygen binding	0,670	0,908	1,163	0,489	
Sb09g022700	Unknown protein		0,904	0,984	0,768	
Sb07g000500	CYP71A21; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding		0,896			
Sb08g022140	Plant cysteine oxidase 2-like/2-aminoethanethiol dioxygenase-like		0,891	1,022		
Sb05g024380	PLA2A (PHOSPHOLIPASE A 2A); lipase/ nutrient reservoir	0,600	0,890	1,196	0,592	0,317

Sb09g021610	PPa3 (pyrophosphorylase 3); inorganic diphosphatase/ pyrophosphatase	0,982	0,886			
Sb06g000780	Cysteine proteinase, putative	0,557	0,884	1,045		
Sb06g029440	XR2 (HISTONE-LYSINE N-METHYLTRANSFERASE ATXR2); zinc ion binding	0,798	0,881	0,703		
Sb03g045590	RNA recognition motif (RRM)-containing protein	1,278	0,857	-2,110		0,648
Sb03g045590.2	RNA recognition motif (RRM)-containing protein			1,498		-1,536
Sb02g029380	60S ribosomal protein L7A (RPL7aB)	0,832	0,855			-0,312
Sb06g020380	PMSR2 (PEPTIDEMETHIONINE SULFOXIDE REDUCTASE 2); oxidoreductase	0,417	0,842	0,996	0,575	
Sb01g011050	LOX5; electron carrier/ iron ion binding	0,419	0,837	1,043	0,620	
Sb08g006800	RLP7 (Receptor Like Protein 7); kinase/ protein binding		0,825	1,022		
Sb10g023330	Elongation factor 1-alpha / EF-1-alpha		0,820		0,738	1,068
Sb09g000290	JMT (JASMONIC ACID CARBOXYL METHYLTRANSFERASE); jasmonate O- methyltransferase	0,792	0,812	0,992		
Sb02g004340	MMS19 nucleotide excision repair protein homolog		0,801	0,944		
Sb09g001010	Protease inhibitor, putative	0,491	0,794	1,045	0,550	
Sb02g012470	Oxidoreductase, 2OG-Fe(II) oxygenase family protein		0,775	0,802		
Sb01g011030	LOX1; lipoxygenase	0,448	0,770	1,111	0,658	
Sb07g006090	ELI3-2 (ELICITOR-ACTIVATED GENE 3-2); aryl- alcohol dehydrogenase/ mannitol dehydrogenase	0,473	0,762	0,851		
Sb03g038160	C4H (CINNAMATE-4-HYDROXYLASE); trans- cinnamate 4-monooxygenase	0,371	0,758	0,838		
Sb06g016980	Helicase domain-containing protein		0,755	0,739		
Sb01g008570	basic helix-loop-helix (bHLH) family protein		0,747	0,950	0,602	
Sb03g028690	CYP72A14; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding	0,655	0,735	0,957		
Sb06g000656	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein		0,726	0,739	0,692	
Sb03g005490	Glycine-rich cell wall structural protein precursor		0,716	0,744		
Sb03g036980	DC1 domain-containing protein	0,475	0,711	0,798		

Sb03g025460	Vacuolar protein sorting protein, putative		0,708	0,726		
Sb01g030560	DMR6 (ReprimidoY MILDEW RESISTANT 6); oxidoreductase/		0,705	0,879	0,531	
Sb01g049030	DMR6 (ReprimidoY MILDEW RESISTANT 6); oxidoreductase		0,687	0,861		
Sb08g023000	PAP12 (PURPLE ACID PHOSPHATASE 12); acid phosphatase/ protein serine/threonine phosphatase	0,381	0,685	0,798		
Sb03g042440	LOX1; lipoxygenase	0,503	0,684	1,069	0,562	0,396
Sb07g015410	Late embryogenesis abundant protein, putative / LEA protein, putative		0,675	1,271	0,835	0,607
Sb02g001940	Glycine-rich cell wall structural protein-like	0,598	0,665	0,968		
Sb02g029690	DEAD/DEAH box helicase, putative (RH28)		0,662	0,847		
Sb07g020370	2-oxoglutarate-dependent dioxygenase, putative	0,570	0,660			
Sb10g000660	Glycoside hydrolase family 28 protein / polygalacturonase (pectinase) family protein	0,487	0,659			
Sb05g024390	PLP4 (PATATIN-LIKE PROTEIN 4); nutrient reservoir	0,469	0,653	1,047	0,574	0,405
Sb07g016310	Endomembrane protein 70, putative		0,652	0,801		
Sb03g032950	Choline kinase, putative		0,652	0,721		
Sb02g040320	Pseudouridine synthase	0,654	0,644			
Sb10g029590	Benzyl alcohol O-benzoyltransferase-like	0,425	0,644	0,775		
Sb04g018290	Indole-3-glycerol phosphate synthase (IGPS)	0,333	0,643	0,641		
Sb03g021040	SMO1-1 (STEROL-4ALPHA-METHYL OXIDASE 1-1)		0,634	0,788	0,520	
Sb10g025880	GER2; binding / catalytic/ coenzyme binding		0,628	0,797	0,610	
Sb01g010270	GSR2; copper ion binding / glutamate-ammonia ligase/glutamine synthetase		0,627	0,770	0,550	
Sb07g004190	Basic helix-loop-helix (bHLH) family protein	0,458	0,624	0,828		
Sb05g023960	bZIP transcription factor (DUF630 and DUF632)		0,612	0,746	0,569	
Sb03g028740	MPK20; MAP kinase	0,944	0,612			
Sb02g024130	VIT1 (vacuolar iron transporter 1); iron ion transmembrane transporter		0,611	0,927	0,996	
Sb09g029580	Auxilin-like protein 1/DNA J	0,484	0,609	0,734		
Sb02g038810	EGG APPARATUS-1	0,317	0,603	0,803	0,482	

Sb01g017910	Calcium uniporter protein 2, mitochondrial	0,390	0,594	0,643		
Sb10g022440	L-ascorbate oxidase, putative		0,592	0,772	0,592	
Sb04g006480	LOX2 (LIPOXYGENASE 2); lipoxygenase		0,588	0,702		
Sb04g034190	ABF2 (ABSCISIC ACID RESPONSIVE ELEMENTS-BINDING FACTOR 2);	1,200	0,584	0,768		
Sb02g010510	SCPL19; serine-type carboxypeptidase/ sinapoyltransferase	0,418	0,560	0,912	0,490	0,363
Sb03g007310	Transmembrane protein 214-B	0,446	0,558			
Sb06g028970	PAO2 (Polyamine oxidase 2); amine oxidase/ electron carrier/ oxidoreductase		0,541	0,664		
Sb01g013910	Organic cation/carnitine transporter 7-like		0,540	0,677		
Sb07g024090	CLH1 (CORONATINE-INDUCED PROTEIN 1); chlorophyllase		0,526	0,690		
Sb03g013420	Beta-fructofuranosidase, putative / invertase, putative / saccharase, putative / beta-fructosidase, putative		0,520	0,835	0,652	0,326
Sb03g043420	Unknown protein		0,506	0,717		
Sb03g009860	Late embryogenesis abundant protein Lea5		0,495	0,590		
Sb09g025710	LBD41 (LOB DOMAIN-CONTAINING PROTEIN 41)	0,280	0,483	0,625		
Sb08g007150	GDSL-motif lipase/hydrolase family protein		0,474			
Sb02g031090	1-phosphatidylinositol phosphodiesterase-related		0,468	0,595		
Sb06g021980	Aldo/keto reductase family protein		0,460	0,715	0,458	
Sb01g033590	2-dehydro-3-deoxyphosphoheptonate aldolase, putative		0,452	0,587		
Sb03g027030	Photosystem II light harvesting complex protein B1; chlorophyll binding	-0,324	-0,478	-0,750	-0,507	-0,262
Sb07g020690	Chaperonin-like RbcX protein	-0,629	-0,481			
Sb03g029290	Putative GRMZM2G063431_T01 drought-responsive lncRNA, complete sequence		-0,494	-0,713	-0,587	
Sb02g039970	Amine oxidase family protein		-0,503			
Sb07g024460	NADH-ubiquinone oxidoreductase-related	-0,348	-0,533			
Sb09g004970	GER3 (GERMIN 3); oxalate oxidase		-0,533			
Sb10g025340	40S ribosomal protein S14 (RPS14C)	-0,430	-0,535	-0,739		

Sb02g032140	HMGB3 (HIGH MOBILITY GROInduzido B 3); DNA binding		-0,576	-1,122	-0,959	
Sb03g032940	Inositol polyphosphate 5-phosphatase, putative	-0,421	-0,611			
Sb01g029660	Proline oxidase, putative / osmotic stress-responsive proline dehydrogenase, putative	-0,398	-0,617			
Sb04g038610	Peroxidase 64 (PER64) (P64) (PRXR4)		-0,646	-0,806	-0,537	
Sb04g024630	PHT2;1 (PHOSPHATE TRANSPORTER 2;1); low affinity phosphate transmembrane transporter	-0,652	-0,682			
Sb06g019740	Unknown protein		-0,722	-0,701		
Sb04g027000	F-box/LRR-repeat protein		-0,744	-0,848		
Sb09g027160	Polygalacturonase, putative / pectinase, putative		-0,746			
Sb10g007725	PDE318 (pigment defective 318); GTP binding		-0,748			
Sb01g037840	Pentatricopeptide repeat-containing protein At5g50990-like isoform X1		-0,771	-0,760		
Sb06g023960	Zinc finger (B-box type) family protein		-0,776			
Sb04g031150	NHL8; protein binding / zinc ion binding	-0,690	-0,796			
Sb10g006520	HAL3A; FMN binding / phosphopantothienoylcysteine decarboxylase	-0,605	-0,808			
Sb03g029240	Serine/threonine-protein kinase STY8-like		-0,818	-1,002		
Sb03g003560	F-box family protein	-2,404	-0,826			1,405
Sb03g003560.1	F-box family protein	0,507				
Sb10g001800	Short-chain dehydrogenase/reductase (SDR) family protein		-0,859	-0,899		
Sb08g001140	ARR9 (RESPONSE REGULATOR 9); transcription regulator/ two-component response regulator		-0,877			
Sb01g010820	Leucine-rich repeat family protein / protein kinase family protein		-0,885	-1,991	0,886	1,437
Sb03g046130	NQR (NADPH:QUINONE OXIDOREDUCTASE); FMN reductase		-0,891	-1,026		
Sb07g006900	Ubiquitin-specific protease family C19-related protein	-1,296	-0,896	-0,957		
Sb09g003140	Agenet domain-containing protein	-1,199	-0,904		-1,494	

Sb01g049140	RCI3 (RARE COLD INDUCIBLE GENE 3); peroxidase		-1,197			
Sb03g007850	Sarcoplasmic reticulum histidine-rich calcium-binding protein		-1,204	-1,622	-1,828	
Sb03g007850.2	Sarcoplasmic reticulum histidine-rich calcium-binding protein					
Sb10g031020	phytoene synthase (PSY)		-1,226	-0,822		
Sb04g033440	STH2 (SALT TOLERANCE HOMOLOG2); transcription factor/ zinc ion binding		-1,342	-1,189		
Sb01g004020	Myb-like protein X/DNA ligase-like protein		-1,678	-1,301		
Sb09g026910	NAP1;2 (NUCLEOSOME ASSEMBLY PROTEIN 1;2); DNA binding / binding	-1,565	-1,862		1,609	1,913
Sb02g043480	AHBP-1B; DNA binding / transcription activator/ transcription factor/ transcription repressor/bZip		-2,577		-1,366	1,588
Sb01g001893	Extensin-like protein	Reprimido	Reprimido	Reprimido		
Sb01g006350	Unknown protein		Reprimido	Reprimido		
Sb01g008960	Proteinase inhibitor PSI-1.2/serine-type endopeptidase inhibitor		Reprimido	Reprimido	Reprimido	
Sb01g046440	Hypothetical protein (DUF1677)		Reprimido	Reprimido	Reprimido	
Sb01g046530	Subtilisin-like protease SBT3.5		Reprimido	Reprimido		
Sb02g027360	EXLB2 (EXPANSIN-LIKE B2 PRECURSOR)	Reprimido	Reprimido	Reprimido		
Sb02g034190	unknown protein	Reprimido	Reprimido			Induzido
Sb02g043575	DUF630 family protein	Reprimido	Reprimido			Induzido
Sb02g044055	ADT5 (arogenate dehydratase 5); arogenate dehydratase/ prephenate dehydratase	Reprimido	Reprimido	Reprimido		
Sb04g007080	Unknown protein		Reprimido			
Sb04g022946	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein / BRCT domain-containing protein	Reprimido	Reprimido	Reprimido		
Sb04g026620	UBL5 (UBIQUITIN-LIKE PROTEIN 5)		Reprimido	Reprimido	Reprimido	
Sb05g000620	DNA mismatch repair protein	Reprimido	Reprimido	Reprimido		
Sb05g017155	CInduzidoredoxin-like		Reprimido	Reprimido	Reprimido	
Sb06g029840	Unknown protein	Reprimido	Reprimido			Induzido

Sb07g006005	KInduzido10; potassium ion transmembrane transporter	Reprimido	Reprimido	Reprimido		
Sb07g015138	alanine and glycine-rich protein	Reprimido	Reprimido	Reprimido		
Sb10g000915	PYR6; cytidylate kinase/ uridylate kinase		Reprimido	Reprimido	Reprimido	
Sb10g002810	Succinate dehydrogenase subunit 8A		Reprimido	Reprimido	Reprimido	
Sb10g026310	Methionyl-tRNA synthetase	Reprimido	Reprimido	Reprimido		
Sb01g028760	OST1 (OPEN STOMATA 1); SnRK2; calcium-dependent protein serine	1,479				
Sb06g028490.1	APO1 (ACCUMULATION OF PHOTOSYSTEM ONE 1)	1,280			-1,904	0,677
Sb03g043650	Trichome birefringence-like protein/protein YLS7-like	1,174			0,921	
Sb02g036180	FUR1 (FUDR RESISTANT 1); nucleoside transmembrane transporter	1,129			-0,878	
Sb02g040800	Zinc knuckle (CCHC-type) family protein	1,082			-1,899	
Sb01g018395	Replication protein A 70 kDa DNA-binding subunit	0,999			-1,166	
Sb07g028020	BETA-1,2-XYLOSYLTRANSFERASE	0,966		0,923		
Sb07g005460	GLX1 (GLYOXALASE I HOMOLOG); lactoylglutathione lyase/ metal ion binding	0,962		1,034		
Sb01g041550	PAP3 (PURPLE ACID PHOSPHATASE 3); acid phosphatase/ protein serine/threonine phosphatase	0,961		1,270		
Sb09g006550	GDSL-motif lipase/hydrolase family protein	0,782		0,894		
Sb04g029760	Zinc finger (CCCH-type/C3HC4-type RING finger) family protein	0,781			-0,685	
Sb05g027930	Protein prenyltransferase	0,721		0,870		
Sb01g018480	Secretory protein, putative	0,668		0,919		0,499
Sb02g019440	Emb1381 (embryo defective 1381)	0,662			-0,778	
Sb08g001495	Aladin-related / adracalin-related	0,656			-0,715	
Sb01g038920	Ribosomal protein S24e family protein	0,629			-0,657	
Sb01g038920.1	Ribosomal protein S24e family protein	0,626				
Sb05g020850	Axoneme-associated protein/HIRA-interacting protein 3	0,618		0,777		
Sb09g002460	MTPA1; efflux transmembrane transporter/ inorganic anion transmembrane transporter	0,600		-1,015		

Sb01g044290	MIPS2 (MYO-INOSITOL-1-PHOSPHATE SYNTHASE 2); binding / catalytic/ inositol-3-phosphate synthase	0,581			
Sb09g001660	MPK1 (MITOGEN-ACTIVATED PROTEIN KINASE PHOSPHATASE 1); MAP kinase tyrosine/serine/threonine phosphatase	1,546		-0,677	
Sb06g001560	Transmembrane protein	0,545		-0,828	
Sb10g026530	Receptor-like cytosolic serine/threonine-protein kinase RBK1	0,521	0,728		
Sb01g030710	AN (ANGUSTIFOLIA); protein binding	0,483	-1,116	-1,125	-1,308
Sb02g036540.1	SRF3 (STRUBBELIG-RECEPTOR FAMILY 3); ATP binding / kinase/ protein serine/threonine kinase	0,466	1,688		
Sb02g036540.2	SRF3 (STRUBBELIG-RECEPTOR FAMILY 3); ATP binding / kinase/ protein serine/threonine kinase		0,830		0,568
Sb10g005340	Protein NUCLEAR FUSION DEFECTIVE 4-liknodulin family protein	0,448	0,648		
Sb01g040090	SH3 domain-containing protein	0,427		-0,558	
Sb06g020390	SRT1 (sirtuin 1); DNA binding / NAD or NADH binding / NAD-dependent histone deacetylase/ zinc ion binding	0,421		-0,599	
Sb07g000310	GCN5-related N-acetyltransferase (GNAT) family protein	0,406	0,563		
Sb07g020070	Senescence-associated protein-related	0,387	0,693		0,361
Sb01g047345	DUF3741 family protein	0,335	-0,525		
Sb05g020390	30S ribosomal protein S7	-0,237			
Sb05g027230	WAK4 (wall associated kinase 4); ATP binding / calcium ion binding / protein kinase/ protein serine/threonine kinase	-0,266	-0,655		
Sb03g046040	ARR9 (RESPONSE REGULATOR 9); transcription regulator/ two-component response regulator	-0,319	-0,599		
Sb01g011070	GCN5-related N-acetyltransferase (GNAT) family protein	-0,403	-0,996	-0,587	
Sb08g019300	CAS1 (cycloartenol synthase 1); cycloartenol synthase	-0,414			
Sb09g029750	O-acetyltransferase family protein	-0,545		0,705	

Sb07g021320	MDH (MALATE DEHYDROGENASE)	-0,567			0,618
Sb10g025580	CPL4 (C-TERMINAL DOMAIN PHOSPHATASE-LIKE 4); phosphoprotein phosphatase	-0,584		0,756	
Sb01g034380	Meiosis arrest female protein 1	-0,787	-0,922		
Sb03g040680	Alpha/beta hydrolase domain-containing protein 11	-0,847	-0,930		
Sb10g028690	Histone H3.v1-like	-0,885	-1,490		
Sb03g008670	Serine/threonine-protein kinase ATM	-0,960		0,977	
Sb09g023580	Mucin-5AC	-1,110		1,251	
Sb06g029200	AT hook motif family protein isoform X2	-1,185	-1,302		
Sb04g028980	RNA recognition motif (RRM)-containing protein	-1,211		-0,838	
Sb09g024250	Phosphate translocator-related	-1,887			0,366
Sb09g024250	Phosphate translocator-related				-1,881
Sb01g004880	Putative DUF1618 domain containing family protein	-1,915			
Sb06g028490	APO1 (ACCUMULATION OF PHOTOSYSTEM ONE 1)	-2,852		2,937	-1,007
Sb02g012336	Cleavage and polyadenylation specificity factor subunit 2	Reprimido	Reprimido		
Sb02g028964	unknown protein	Reprimido	Reprimido		
Sb04g027740	Senescence-associated protein-related	Reprimido		Induzido	
Sb05g005380	SWI/SNF complex subunit SWI3C-like	Reprimido		Induzido	
Sb05g019053	Phosphoglycerate/bisphosphoglycerate mutase family protein	Reprimido		Induzido	
Sb06g022220	RmlC-like clnduzidoins slnduzidoerfamily protein	Reprimido		Induzido	
Sb06g029850	Wound-responsive family protein	Reprimido		Induzido	
Sb08g020770	NADH-plastoquinone oxidoreductase subunit 4L	Reprimido	Reprimido		
Sb09g002780	Ribosomal protein L31	Reprimido		Induzido	
Sb09g028790	RL1 (RAD-LIKE 1); DNA binding / transcription factor	Reprimido	Reprimido		
Sb10g026270	Transmembrane protein 230-like	Reprimido	Reprimido		
Sb10g026550	Myb family transcription factor	Reprimido	Reprimido		
Sb10g029050	Auxin-responsive protein, putative / small auxin Induzido RNA (SAUR_D)	Reprimido		Induzido	
Sb10g030100	Putative membrane lipoprotein	Reprimido			

Sb06g025870	MATE efflux protein-related	1,620	1,069	1,320
Sb07g015000	Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 19a-like [1,616	1,293	2,887
Sb07g015000.1	Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 19a-like	-0,961		-1,017
Sb03g043310	Integrator complex subunit 9 homolog isoform X1	-0,965	-1,168	
Sb06g032600	ARR6 (RESPONSE REGULATOR 6); transcription regulator/ two-component response regulator	-0,984	-0,770	
Sb10g027275	Unknown protein	Reprimido	Reprimido	
Sb08g002593	Ubiquitin thioesterase otubain-like isoform X1	Reprimido		
Sb06g021590	Enhancer of rudimentary protein	Reprimido	Reprimido	
Sb04g018990	RS27A (RIBOSOMAL PROTEIN S27); structural constituent of ribosome	Reprimido	Reprimido	
Sb03g038970	Transmembrane protein	Reprimido	Reprimido	
Sb03g005220	RPL3P (RIBOSOMAL PROTEIN L3 PLASTID); structural constituent of ribosome	Reprimido	Reprimido	
Sb02g028110	GTP-binding protein-related	Reprimido	Reprimido	
Sb01g038765	2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase	Reprimido	Reprimido	
Sb01g009933	Serine/threonine-protein kinase dyrk2	Reprimido	Reprimido	
Sb05g000510	MRH1 (morphogenesis of root hair 1); ATP binding	-2,441	1,455	
Sb06g023410	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 42	1,170		
Sb01g038520	Oxidoreductase, 2OG-Fe(II) oxygenase family protein	1,004		
Sb07g001250	AGL12 (AGAMOUS-LIKE 12); transcription factor	0,818	0,976	0,770
Sb02g005380	CLA1 (CLOROPLASTOS ALTERADOS 1); 1-deoxy-D-xylulose-5-phosphate synthase	1,036		
Sb02g004030	Protein kinase family protein	0,991	0,951	1,153
Sb02g004030.1	Protein kinase family protein	-0,794		-0,685
Sb03g047380	Haloacid dehalogenase-like hydrolase family protein	-0,771	-0,598	
Sb10g019360	DELTA-TIP; ammonia transporter/ methylammonium transmembrane transporter/ water channel	-0,511		
Sb10g023720	Phosphatidic acid phosphatase-related / PAP2-related	-1,021	-0,738	

Sb09g025060	Protein of unknown function DUF1677		-0,731	-0,596	
Sb02g035600	BAM5 (BETA-AMYLASE 5); beta-amylase		-0,513		
Sb02g030020	UGT74F2 (UDP-GLUCOSYLTRANSFERASE 74F2)		-0,634		
Sb10g012170	Zinc finger (CCCH-type/C3HC4-type RING finger) family protein		-1,623	-1,599	
Sb09g017150	60S ribosomal protein L29 (RPL29B)		-1,119	-0,945	
Sb01g008030	Glycosyl hydrolase family 3 protein		-0,867	-0,627	
Sb01g009990	Cortical cell-delineating protein precursor		1,603		
Sb08g007610	BGLU16 (BETA GLUCOSIDASE 16); catalytic/ cation binding / hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds		1,155		
Sb04g028720	PDLP7 (PLASMODESMATA-LOCATED PROTEIN 7)		1,149	1,014	
Sb09g017970	MFP2 (MULTIFUNCTIONAL PROTEIN 2); 3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase/ enoyl-CoA hydratase		1,077	1,163	1,066
Sb10g008730	JMT (JASMONIC ACID CARBOXYL METHYLTRANSFERASE); jasmonate O-methyltransferase		0,982	0,965	
Sb03g026010	Protein CHInduzido1, chloroplastic; actin binding		0,969	0,730	
Sb07g019240	Haloacid dehalogenase-like hydrolase family protein		0,894		
Sb10g022190	ATMRP6; ATPase, colInduzidoled to transmembrane movement of substances		0,816		
Sb03g039820	P5CS2 (DELTA 1-PYRROLINE-5-CARBOXYLATE SYNTHASE 2); catalytic/ glutamate 5-kinase/ oxidoreductase	0,897	0,764		0,457
Sb03g038470	Amino acid transporter family protein		0,797		0,557
Sb01g038900	GSTL2 (glutathione transferase lambda 2)		0,635	0,557	0,489
Sb08g004470	CBS domain-containing protein / octicosapeptide/Phox/Bemp1 (PB1) domain-containing protein		0,733	0,528	0,538
Sb03g036170	Jacalin lectin family protein		0,671		
Sb01g004930	Cactin		0,635	0,545	0,391
Sb04g004370	Galactosyltransferase family protein		0,630		

Sb05g008570	APY1 (APYRASE 1); ATPase/ calmodulin binding / nucleotide diphosphatase	0,791		
Sb03g003550	2-oxoglutarate-dependent dioxygenase, putative	0,788	0,551	
Sb03g035470	uvrB/uvrC motif-containing protein	1,555	1,124	2,599
Sb03g035470.1	uvrB/uvrC motif-containing protein			-0,454
Sb01g045700	Kelch repeat-containing F-box family protein	1,457	2,294	0,975
Sb03g044960	FLP1 (FPF1-LIKE PROTEIN 1)	1,421	1,368	
Sb03g037575	SIB1 (SIGMA FACTOR BINDING PROTEIN 1); binding / protein binding	1,316	1,915	
Sb10g004580	RAP2.10 (related to AP2 10); DNA binding / transcription factor	0,957	0,774	0,716
Sb03g027180	Putative dihydroflavonol 4-reductase/flavanone protein		0,772	
Sb04g003040	HCF173 (high chlorophyll fluorescence phenotype 173); binding / catalytic/ transcription repressor	0,941	0,654	
Sb01g010500	ARPN (PLANTACYANIN); copper ion binding / electron carrier	0,886	0,603	0,532
Sb01g044630	Classical arabinogalactan protein 9-like	0,782		
Sb09g030780	LBD40 (LOB DOMAIN-CONTAINING PROTEIN 40)	0,940		
Sb08g000360	Phosphoinositide-specific phospholipase C family protein			
Sb02g023080	Putative bromodomain-containing protein DDB	0,871	0,688	0,594
Sb04g001680	Ubiquitin-conjugating enzyme, putative	0,851		
Sb04g007800	Vacuolar ATP synthase subunit B, putative /	0,627	0,772	0,683
Sb10g006680	AAPT1 (AMINOALCOHOLPHOSPHOTRANSFERASE 1); phosphatidyltransferase	0,850	0,951	
Sb09g022410	Protein phosphatase 2C, putative / PP2C, putative	0,834		
Sb08g007690	Signal transducer/transcription protein, putative (DUF1685)	0,762	0,827	0,345
Sb03g028290	Putative WRKY transcription factor 19	0,740	0,555	
Sb06g020640	G6PD6 (GLUCOSE-6-PHOSPHATE DEHYDROGENASE 6); glucose-6-phosphate dehydrogenase	0,726	0,630	

Sb03g008760	Isoflavone reductase, putative		0,724	0,561
Sb04g022350	Beta-fructofuranosidase, putative / invertase, putative / saccharase, putative / beta-fructosidase, putative		0,608	
Sb04g009350	Unknown protein		0,562	
Sb04g009900	AAA-type ATPase family protein / ankyrin repeat family protein		0,550	
Sb03g009270	NADP-dependent oxidoreductase, putative		0,532	
Sb03g032280	FPS1 (FARNESYL DIPHOSPHATE SYNTHASE 1); dimethylallyltranstransferase/ geranyltranstransferase		0,526	
Sb01g004130	SIP2 (seed imbibition 2); hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds		0,524	
Sb02g005350	Transferase, transferring glycosyl groups		-0,513	
Sb08g019260	GAUT13 (Galacturonosyltransferase 13)		-1,027	-0,974
Sb01g026960	Aldo/keto reductase, putative		-1,029	-1,019
Sb02g024470	CRR23 ((chlororespiratory reduction 23)		-0,526	
Sb06g029740	ATP binding / protein kinase/ protein serine/threonine kinase/ protein tyrosine kinase/ sugar binding		-0,532	
Sb04g029030	Potassium transporter, putative		-1,033	-0,750
Sb01g024390	Probable glucan 1,3-beta-glucosidase A		-0,777	-0,573
Sb09g001120	Heat shock protein DnaJ, cysteine-rich domain-containing protein		-0,533	
Sb03g029180	Carbonic anhydrase, putative / carbonate dehydratase, putative		-0,552	
Sb03g011590	GLP5 (GERMIN-LIKE PROTEIN 5); manganese ion binding / nutrient reservoir		-1,080	-1,012
Sb02g026910	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing protein		-1,104	-1,101
Sb01g038150	Abscisic acid receptor PYL4	0,530	-0,552	
Sb10g024200	C2 domain-containing protein		-0,845	
Sb10g008340	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein		-0,798	-0,826
Sb02g039433	MSS3 (multicopy suppressors of snf4 deficiency in yeast 3); calcium ion binding		-0,794	-0,656

Sb08g020580	IAA16 (early auxin-induced); transcription factor	-0,625	
Sb08g020580.1	IAA16; transcription factor		
Sb02g023760	Anti-muellerian hormone type-2 receptor	-0,558	
Sb07g021290	MYR1 (MYb-related protein 1); transcription factor	-0,779	-0,661
Sb03g017620	30S ribosomal protein S2	-0,791	
Sb06g030160	HEMA1; glutamyl-tRNA reductase	-0,561	
Sb07g024290	FAR1 (FATTY ACID REDUCTASE 1); fatty acyl-CoA reductase (alcohol-forming)/ oxidoreductase	-0,662	-0,531
Sb02g029010	Auxin-responsive family protein	-0,667	
Sb10g022630	Fanconi Anemia groInduzido E protein	-0,712	-0,669
Sb01g003390	Putative F-box/LRR-repeat/kelch-repeat protein	-0,701	-0,605
Sb06g032460	PAO4 (POLYAMINE OXIDASE 4); amine oxidase/ polyamine oxidase	-0,689	
Sb03g011120	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein	-0,674	-0,842
Sb02g023810	Protein PLASTID REDOX INSENSITIVE 2	-0,670	-0,764
Sb07g002550	AAE14 (Acyl-Activating Enzyme 14); AMP binding / o-succinylbenzoate-CoA ligase	-0,623	-0,575
Sb10g022580	CGA1 (CYTOKININ-RESPONSIVE GATA FACTOR 1); transcription factor	-0,616	-0,577
Sb02g036380	LHCB3 (LIGHT-HARVESTING CHLOROPHYLL B-BINDING PROTEIN 3); structural molecule	-0,593	
Sb06g015600	ACA1 (ALPHA CARBONIC ANHYDRASE 1); carbonate dehydratase/ zinc ion binding	-0,563	
Sb05g020230	Naringenin-chalcone synthase	-0,569	-0,467
Sb05g020150	Naringenin-chalcone synthase	-0,582	
Sb06g030910	L-asparaginase, putative / L-asparagine amidohydrolase, putative	-0,590	-0,584
Sb06g022850	Unknown protein		Induzido
Sb10g013040	Transmembrane protein		Induzido
Sb10g024730	GDU5 (GLUTAMINE DUMPER 5)		Induzido
Sb05g000850	F-box family protein		1,123
Sb09g024950	Jacalin lectin family protein		0,924

Sb04g003450	PRHA (PATHOGENESIS RELATED HOMEODOMAIN PROTEIN A); protein binding		0,903	
Sb09g029900	AAA-type ATPase family protein		0,818	
Sb07g008100	TXND9 (THIOREDOXIN DOMAIN-CONTAINING PROTEIN 9 HOMOLOG)		0,795	
Sb09g030780.1	LBD40 (LOB DOMAIN-CONTAINING PROTEIN 40)		0,777	
Sb07g003070	NDB2 (NAD(P)H dehydrogenase B2); FAD binding / disulfide oxidoreductase/ oxidoreductase		0,767	
Sb03g039880	Protease inhibitor/seed storage/lipid transfer protein (LTP) family protein		0,596	
Sb03g039630	protein phosphatase 2C, putative / PP2C, putative	0,535	0,670	
Sb01g034730	Flavonoid 3'-monooxygenase/ oxygen binding; CYP75B1		0,654	
Sb09g001850	Calcium-transporting ATPase		0,638	
Sb09g003250	Putative GRMZM2G399541_T01 drought-responsive lncRNA		0,631	
Sb09g005450	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein		0,626	
Sb04g023530	UGT85A1; UDP-glycosyltransferase/ cis-zeatin O-beta-D-glucosyltransferase		0,572	
Sb03g037170	Putative polyadenylate-binding protein 1-B-binding protein		0,566	
Sb02g025680	Choline/ethanolamine kinase		0,561	
Sb06g021010	PGLP1 (2-PHOSPHOGLYCOLATE PHOSPHATASE 1); phosphoglycolate phosphatase		-0,487	
Sb04g029080	HB-1 (HOMEODOMAIN 1); DNA binding /		-0,493	
Sb01g004360	Carboxyl-terminal peptidase, putative		-0,515	
Sb07g002870	UCC1 (UCLACYANIN 1); copper ion binding / electron carrier		-0,912	
Sb03g044830	Heparan-alpha-glucosaminide N-acetyltransferase		-0,531	
Sb01g040430	PLA2-ALPHA; phospholipase A2		-0,596	
Sb06g003190	DSBA-like thioredoxin domain containing protein		-0,607	
Sb09g002870	Snurportin-1		-0,740	2,245
Sb09g002870.1	Snurportin-1		-0,686	-0,686

Sb09g016150	DREB2A; DNA binding / transcription activator/ transcription factor		
Sb09g016150.1	DREB2A; DNA binding / transcription activator/ transcription factor		
Sb10g022420	ATP binding / carbohydrate binding / kinase	-0,617	0,914
Sb03g013850	ATP synthase subunit beta	-0,722	
Sb01g041940	Unknown protein	-0,858	
Sb03g011930	SAM-2 (S-ADENOSYLMETHIONINE SYNTHETASE 2); methionine adenosyltransferase	-0,678	
Sb02g003436	Putative cysteine-rich receptor-like protein kinase 10 isoform X1	-0,957	
Sb02g001140	Peroxidase, putative	-0,653	
Sb02g022540	Leucine-rich repeat transmembrane protein kinase, putative	-0,671	
Sb09g021590	TLP10 (TUBBY LIKE PROTEIN 10); phosphoric diester hydrolase/ transcription factor	-0,680	
Sb04g022780	ARR3 (RESPONSE REGULATOR 3); transcription regulator/ two-component response regulator	-0,752	
Sb04g001030	scpl49 (serine carboxypeptidase-like 49); serine-type carboxypeptidase	-0,978	
Sb02g036120	F-box family protein	-0,931	
Sb06g017550	ARR3 (RESPONSE REGULATOR 3); transcription regulator/ two-component response regulator	-0,855	
Sb04g006200	GDU5 (GLUTAMINE DUMPER 5)	-0,843	
Sb02g030220	FUC1 (alpha-L-fucosidase 1); alpha-L-fucosidase	-1,046	

Fonte: elaborado pelo autor.

Tabela S2. Genes diferencialmente expressos – GDEs (Up/Down e induzidos/reprimidos) em plantas de sorgo CSF20 submetidas aos tratamentos isolados e combinados de salinidade e temperatura elevada. Diferentes comparações são mostradas na tabela; CONT18 × SAL18, CONT18 × TE18, CONT18 × COMB18, SAL18 × COMB18 e TE18 × COMB18. A presente tabela engloba todos os GDEs identificados em plantas CSF18. Para mais detalhes ver legenda da **tabela S1**.

Id	Anotação gênica	CONT18 × SAL18	CONT18 × TE18	CONT18 × COMB18	SAL18 × COMB18	TE18 × COMB18
Sb01g002560	Cytidine/deoxycytidylate deaminase family protein	Induzido				
Sb01g021740	Putative CASP-like protein (DUF1677)	Induzido				
Sb01g037845	Pentatricopeptide repeat-containing protein	Induzido				
Sb01g047260	Cytochrome c biogenesis B	Induzido				
Sb01g049800	Heavy-metal-associated domain-containing protein	Induzido				
Sb02g027820	Transmembrane protein, putative	Induzido				
Sb02g038190	Zinc finger SWIM domain protein	Induzido				
Sb03g010210	Putative G-protein coupled receptor	Induzido				
Sb03g013680	Unknown protein	Induzido				
Sb03g039730	Unknown protein	Induzido				
Sb03g042377	Pectinacetylsterase family protein	Induzido				
Sb04g001085	ATRX; ATP binding / DNA binding / helicase/ nucleic acid binding	Induzido				
Sb04g022946	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein / BRCT domain-containing protein	Induzido				
Sb07g022930	Remorin family protein	Induzido				
Sb08g001490	Ubiquitin thiolesterase	Induzido				
Sb10g024730	GDU5 (GLUTAMINE DUMPER 5)	Induzido				
Sb10g027275	unknown protein	Induzido				
Sb07g019760	SPFH/Band 7/PHB domain-containing membrane-associated protein family	1,934				
Sb08g001590	Putative dnaJ homolog subfamily C member 7 homolog	1,528				
Sb03g030720	Lectin protein kinase family protein	1,459				
Sb01g003290	AXR1 (AUXIN RESISTANT 1); small protein activating enzyme	1,258				

Sb01g027580	G-type lectin S-receptor-like serine/threonine-protein kinase At1g34300	1,239
Sb06g028490.1	APO1 (ACCUMULATION OF PHOTOSYSTEM ONE 1)	1,101
Sb03g042300	Rhodanese-like domain-containing protein	1,084
Sb04g016070	Putative tropomyosin-like	1,030
Sb06g026790	Serine/arginine repetitive matrix protein 1	1,016
Sb03g034760	F-box family protein	1,016
Sb03g010220	Putative G-protein coupled receptor	1,002
Sb01g010610	Oxidoreductase, acting on the CH-CH group of donors	0,962
Sb03g043650	Trichome birefringence-like protein (DUF828) (YLS7)	0,933
Sb01g045700	Kelch repeat-containing F-box family protein	0,920
Sb01g035130	Beta-adaptin, putative	0,854
Sb05g000850	F-box family protein	0,845
Sb07g026430	GDT1-like protein 4;	0,843
Sb03g031580	Zinc transporter	0,812
Sb01g009590	Basic helix-loop-helix (bHLH) family protein	0,790
Sb05g023500	Pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein	0,765
Sb09g027210	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing protein	0,759
Sb07g028070	SWIB complex BAF60b domain-containing protein	0,738
Sb08g021750	Putative cotton fiber protein	0,738
Sb06g033120	Tetraspanin family protein	0,728
Sb01g031480	Nuclear envelope integral membrane protein	0,704
Sb07g026240	Serine/threonine-protein kinase Rio1	0,700
Sb04g017540	Putative transmembrane protein	0,697
Sb01g023260	Eukaryotic translation initiation factor 2B family protein / eIF-2B family protein	0,691
Sb08g016190	Calmodulin-binding protein-related	0,658
Sb01g002190	Kelch repeat-containing protein	0,650
Sb01g036910	Membrane-associated progesterone binding protein 3 (ATMP2); heme binding	0,625

Sb02g039550	CYCD2;1 (Cyclin D2;1); cyclin-dependent protein kinase regulator/ protein binding	0,618
Sb10g028080	HMA1; ATPase/ cadmium-transporting ATPase	0,591
Sb01g037410	DEAD/DEAH box helicase	0,589
Sb04g011280	Nucleolar essential protein-related	0,555
Sb03g016940	DNA-directed RNA polymerase subunit beta, putative (DUF630 and DUF632)	0,553
Sb09g001510	Putative BRI1-KD interacting protein 130	0,548
Sb07g028510	Uracil phosphoribosyltransferase, putative / UMP pyrophosphorylase, putative / UPRTase, putative	0,546
Sb07g016310	Endomembrane protein 70, putative	0,545
Sb02g037710	C2 domain-containing protein/Calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain) family protein	0,539
Sb10g031260	Transcription factor jumonji (jmjC) domain-containing protein	0,539
Sb02g009400	Cytochrome P450, family 71	0,538
Sb09g016140	SNX2b (SORTING NEXIN 2b); phosphoinositide binding / protein binding	0,535
Sb10g002170	unknown protein	0,522
Sb07g003340	ATP-binding region, ATPase-like domain-containing protein	0,513
Sb01g011160	Yippee family putative zinc-binding protein	0,511
Sb04g035290	Protein kinase family protein	0,500
Sb04g011040	39S ribosomal protein	0,492
Sb06g001360	NRPB11; DNA binding / DNA-directed RNA polymerase	0,477
Sb01g010940	Putative elongation factor	0,476
Sb04g009630	Vesicle transport protein SEC20	0,475
Sb0139s002010	Protein DEHYDRATION-INDUCED 19 homolog	0,460
Sb01g036900	F-box family protein	0,456
Sb01g001170	Short-chain dehydrogenase/reductase (SDR) family protein	0,455
Sb05g022090	E3 ubiquitin-protein ligase RNF25	0,448

Sb09g022430	GPAT5 (GLYCEROL-3-PHOSPHATE ACYLTRANSFERASE 5)	0,447
Sb09g004430	LPD1 (LIPOAMIDE DEHYDROGENASE 1); dihydrolipoyl dehydrogenase	0,432
Sb10g011810	Hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	0,424
Sb01g018210	ATS2; 1-acylglycerol-3-phosphate O-acyltransferase/ acyltransferase	0,419
Sb01g034960	Alpha-N-acetylglucosaminidase family / NAGLU family	0,415
Sb04g004920	ALDH5F1; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase	0,413
Sb06g031980	ATP binding / aminoacyl-tRNA ligase/ leucine-tRNA ligase/ nucleotide binding	0,404
Sb09g022810	NF-YB8 (NUCLEAR FACTOR Y, SUBUNIT B8); transcription factor	0,401
Sb04g007320	NIG (NSP (NUCLEAR SHUTTLE PROTEIN)-INTERACTING GTPASE); GTP binding / GTPase	0,398
Sb01g047690	PTR3 (PEPTIDE TRANSPORTER 3); dipeptide transporter/ transporter/ tripeptide transporter	0,385
Sb01g012470	TRAM, LAG1 and CLN8 (TLC) lipid-sensing domain containing protein	0,383
Sb01g020150	PKT3 (PEROXISOMAL 3-KETOACYL-COA THIOLASE 3); acetyl-CoA C-acyltransferase	0,375
Sb01g050120	SEX4 (STARCH-EXCESS 4); polysaccharide binding / protein tyrosine/serine/threonine phosphatase	0,373
Sb01g004880	unknown protein	0,369
Sb10g004720	Undecaprenyl pyrophosphate synthetase family protein / UPP synthetase family protein	0,369
Sb01g039400	SLT1/HSP20-like chaperones superfamily protein	0,358
Sb07g005030	SNF2 domain-containing protein / helicase domain-containing protein	0,356
Sb06g021120	NRPC1; DNA binding / DNA-directed RNA polymerase/ ribonucleoside binding / zinc ion binding	0,349
Sb02g042000	PHD finger transcription factor, putative	0,339
Sb10g000430	Integral membrane family protein	0,339
Sb07g023330	UBP16 (UBIQUITIN-SPECIFIC PROTEASE 16)	0,337

Sb01g004930	Cactus-binding domain, C-terminal, Cactin, central region	0,336
Sb07g027510	DNA-binding family protein / AT-hook protein 1 (AHP1)	0,333
Sb06g018560	ATO (ATROPOS); nucleic acid binding / zinc ion binding	0,331
Sb07g004820	ATCOAB (4-phospho-panto-thenoylcysteine synthetase)	0,322
Sb08g016530	ATPLT5 (POLYOL TRANSPORTER 5); D-ribose transmembrane transporter	0,321
Sb03g026720	Protein SYS1	0,318
Sb01g033650	EICBP.B (ETHYLENE INDUCED CALMODULIN BINDING PROTEIN)	0,309
Sb02g036510	MIN7 (HOPM INTERACTOR 7); guanyl-nucleotide exchange factor/ protein binding	0,302
Sb04g024330	Small nuclear ribonucleoprotein D1, putative	0,300
Sb06g018530	Synaptonemal complex protein ZEP1-like	0,297
Sb04g007000	Nuclear pore complex protein NUP205	0,296
Sb07g024200	60S ribosomal protein L10A (RPL10aA)	0,290
Sb09g026810	ALDH12A1; 3-chloroallyl aldehyde dehydrogenase	0,278
Sb03g045240	PVA12 (PLANT VAP HOMOLOG 12); structural molecule	0,275
Sb03g042950	Protein PLASTID TRANSCRIPTIONALLY ACTIVE 10	0,272
Sb02g013180	FRA1 (FRAGILE FIBER 1); microtubule motor	0,257
Sb01g001080	Elongation factor Tu, putative / EF-Tu, putative	0,255
Sb09g002260	IVD (ISOVALERYL-COA-DEHYDROGENASE); ATP binding / isovaleryl-CoA dehydrogenase	0,246
Sb10g005100	CBL (cystathionine beta-lyase); cystathionine beta-lyase	0,242
Sb01g000490	XPO1A; protein binding / protein transporter/ receptor	0,242
Sb07g027010	Mitochondrial substrate carrier family protein	0,241
Sb01g027800	Sugar transporter family protein	0,238
Sb03g004770	Saposin B domain-containing protein	0,237
Sb01g050290	UPF0187 protein At3g61320, chloroplastic-like	0,235
Sb02g043940	FAC1 (EMBRYONIC FACTOR1); AMP deaminase	0,226

Sb10g031240	Clathrin light chain protein	0,225
Sb04g003020	HAC1 (HISTONE ACETYLTRANSFERASE OF THE CBP FAMILY 1)	0,223
Sb02g004380	ELIP1 (EARLY LIGHT-INDUCABLE PROTEIN); chlorophyll binding	0,219
Sb04g035685	nudt3 (Nudix hydrolase homolog 3); hydrolase	0,216
Sb02g003960	Short-chain dehydrogenase/reductase (SDR) family protein	0,211
Sb07g003610	TOP1ALPHA (DNA TOPOISOMERASE I ALPHA); DNA topoisomerase type I	0,193
Sb03g007140	ATNAP6 (NON-INTRINSIC ABC PROTEIN 6); protein binding / transporter	0,188
Sb06g013930	2-oxoglutarate dehydrogenase E1 component, putative	-0,187
Sb04g020440	60S ribosomal protein L35 (RPL35D)	-0,188
Sb10g025400	Methyltransferase-related	-0,193
Sb06g030390	Glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase, putative	-0,199
Sb02g030780	unknown protein	-0,209
Sb03g013540	LPD1 (LIPOAMIDE DEHYDROGENASE 1); dihydrolipoyl dehydrogenase	-0,211
Sb03g025440	GAMMA-VPE (GAMMA VACUOLAR PROCESSING ENZYME); cysteine-type endopeptidase	-0,223
Sb08g018350	DUF538 domain-containing protein	-0,224
Sb01g002340	Cell number regulator 7/Protein PLANT CADMIUM RESISTANCE 2-like	-0,229
Sb04g008540	RPL16A; structural constituent of ribosome	-0,248
Sb01g048370	SMO2-1 (STEROL 4-ALPHA-METHYL-OXIDASE 2-1)	-0,248
Sb07g023900	NAC2; transcription factor	-0,254
Sb02g024090	ANN5; calcium ion binding / calcium-dependent phospholipid binding	-0,257
Sb01g040980	NF-YC4 (NUCLEAR FACTOR Y, SUBUNIT C4); DNA binding / transcription factor	-0,265
Sb02g035880	Vacuolar ATP synthase subunit H family protein	-0,267
Sb04g029240	Protein FAM32A-like	-0,268

Sb10g026630	TO1 (thioredoxin O1)	-0,271
Sb04g004670	ATP-dependent zinc metalloprotease	-0,275
Sb06g018260	Protein phosphatase 2C-related / PP2C-related	-0,276
Sb02g020260	FLU (FLUORESCENT IN BLUE LIGHT); binding	-0,281
Sb03g045880	Essential protein Yae1 N-terminal	-0,282
Sb09g005910	Putative programmed cell death protein 4-like	-0,284
Sb01g029330	EXPB2 (EXPANSIN B2)	-0,286
Sb10g019590	PAP2 (PHYTOCHROME-ASSOCIATED PROTEIN 2); transcription factor	-0,286
Sb09g030730	ATP binding / ATP-dependent helicase/ helicase/ nucleic acid binding	-0,287
Sb01g048360	ADK (ADENOSINE KINASE); adenylate kinase/ nucleotide kinase	-0,295
Sb02g006530	MTACP-1 (MITOCHONDRIAL ACYL CARRIER PROTEIN 1)	-0,303
Sb09g002690	GLB1 (GLNB1 HOMOLOG); acetylglutamate kinase regulator	-0,318
Sb01g018810	PDF5 (REFOLDIN 5); unfolded protein binding	-0,319
Sb07g007540	Pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein	-0,325
Sb03g041310	Probable magnesium transporter NIPA7	-0,329
Sb02g026930	Carbonic anhydrase family protein / carbonate dehydratase family protein	-0,330
Sb09g019800	Mitochondrial transcription termination factor family protein / mTERF family protein	-0,331
Sb04g033050	Alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	-0,331
Sb09g029950	CDPK6 (CALCIUM-DEPENDENT PROTEIN KINASE 6)	-0,343
Sb04g030620	Phosphatidic acid phosphatase-related / PAP2-related	-0,351
Sb01g031530	Cysteine-rich and transmembrane domain-containing protein A	-0,352
Sb07g005360	RNA-binding protein 45 (RBP45), putative	-0,366
Sb01g038560	AKIN10 (SNF1 kinase homolog 10); protein binding / protein kinase	-0,370
Sb07g024460	NADH-ubiquinone oxidoreductase-related	-0,372

Sb04g024150	TRAM, LAG1 and CLN8 (TLC) lipid-sensing domain containing protein/ASC1-like protein 1 isoform	-0,376
Sb06g027850	Putative peptide transport permease protein Mb1314c	-0,378
Sb03g046830	TY1 (THIOREDOXIN Y1); electron carrier/ protein disulfide oxidoreductase	-0,382
Sb07g020920	HMGA (HIGH MOBILITY GROUP A); DNA binding	-0,392
Sb01g042550	S-locus lectin protein kinase family protein	-0,399
Sb10g011110	Chloroplast nucleoid DNA-binding protein, putative	-0,405
Sb01g037870	GATL7 (Galacturonosyltransferase-like 7)	-0,410
Sb04g028000	DCD (Development and Cell Death) domain protein	-0,414
Sb04g030050	NTRA (NADPH-DEPENDENT THIOREDOXIN REDUCTASE A); thioredoxin-disulfide reductase	-0,417
Sb03g044230	AHK3 (HISTIDINE KINASE 3); cytokinin receptor/ osmosensor/ protein histidine kinase	-0,419
Sb04g020450	3-oxoacyl-(acyl-carrier protein) reductase, chloroplast / 3-ketoacyl-acyl carrier protein reductase	-0,428
Sb02g035755	HCF109 (HIGH CHLOROPHYLL FLUORESCENT 109); translation release factor	-0,432
Sb03g031610	EMB2454 (embryo defective 2454); protein binding / zinc ion binding	-0,438
Sb03g030230	Exosome complex exonuclease RRP40	-0,449
Sb02g009020	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein	-0,455
Sb04g008020	mitochondrial substrate carrier family protein	-0,462
Sb09g022480	Flavonoid 3'-monooxygenase/ oxygen binding	-0,470
Sb01g037610	AAE7 (ACYL-ACTIVATING ENZYME 7); AMP binding / acetate-CoA ligase	-0,473
Sb09g002640	Long-chain-fatty-acid--CoA ligase family protein / long-chain acyl-CoA synthetase family protein	-0,502
Sb01g019560	NPGR2 (no pollen germination related 2); calmodulin binding	-0,505
Sb09g002460	MTPA1; efflux transmembrane transporter/ inorganic anion transmembrane transporter	-0,513
Sb04g002200	Basal transcription factor complex subunit-related	-0,535

Sb01g042080	F-box family protein	-0,538
Sb08g006230	CCR4-NOT transcription complex subunit 11	-0,540
Sb02g028260	ESSS subunit of NADH:ubiquinone oxidoreductase (complex I) protein	-0,542
Sb01g047350	ING1 (INHIBITOR OF GROWTH 1); DNA binding / methylated histone residue binding	-0,611
Sb02g022180	Putative disease resistance protein RGA3	-0,613
Sb02g028920	RNA-binding KH domain-containing protein	-0,628
Sb03g042970	CXE16 (carboxyesterase 16); hydrolase	-0,641
Sb10g001110	Transmembrane protein, putative	-0,650
Sb01g016980	ERCC1; 5'-flap endonuclease	-0,674
Sb08g001430	Putative CBL-interacting protein kinase family protein	-0,697
Sb10g022520	GA3 (GA REQUIRING 3); ent-kaurene oxidase/ oxygen binding	-0,698
Sb03g026210	Transmembrane protein, putative/DUF1118 domain-containing protein	-0,706
Sb03g041760	SCL1 (SCARECROW-LIKE 1); transcription factor	-0,723
Sb10g029550	F-box family protein	-0,744
Sb04g002100	RNA binding / tRNA (guanine-N2-)-methyltransferase	-0,750
Sb01g005000	Protein WVD2-like 3	-0,787
Sb04g000850	Pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein	-0,801
Sb05g004600	emb2739 (embryo defective 2739)	-0,814
Sb07g002630	Galactosyltransferase family protein	-0,826
Sb03g036250	Aspartyl protease family protein	-0,894
Sb03g031830	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein	-0,931
Sb07g006080	ASK20 (SKP1-LIKE 20); protein binding / ubiquitin-protein ligase	-0,942
Sb10g003610	Synbindin, putative	-0,945
Sb01g011220	NF-YA9 (NUCLEAR FACTOR Y, SUBUNIT A9); specific transcriptional repressor/ transcription factor	-0,962
Sb09g019200	SAD1 (SUPERSENSITIVE TO ABA AND DROUGHT 1); RNA binding	-1,002

Sb03g002850	Ribonuclease III family protein	-1,020	
Sb04g023150	Ankyrin repeat protein SKIP35	-1,034	
Sb04g007940	ATB BETA; nucleotide binding / protein phosphatase type 2A regulator	-1,139	
Sb01g049140	RCI3 (RARE COLD INDUCIBLE GENE 3); peroxidase	-1,158	
Sb06g015100	protein binding / zinc ion binding	-1,158	
Sb01g033900	SAP domain-containing protein	-1,229	
Sb10g000730	Sec14p-like phosphatidylinositol transfer family protein	-1,392	
Sb04g033530	OBE2 (OBERON2); protein binding / zinc ion binding	-1,397	
Sb06g024600	Polyketide cyclase/dehydrase and lipid transport superfamily protein	-1,418	
Sb03g035240	Tesmin/TSO1-like CXC domain-containing protein	-1,592	
Sb08g003490	Protein of unknown function, DUF584	-1,598	
Sb05g009500	MAP3KA; ATP binding / kinase/ protein kinase/ protein serine/threonine kinase	-2,405	
Sb01g049730	Protein of unknown function, DUF584	Reprimido	
Sb03g034990	Unknown protein	Reprimido	
Sb04g007080	Unknown protein	Reprimido	
Sb04g034570	GCN5-related N-acetyltransferase (GNAT) family protein	Reprimido	
Sb07g006350	Exonuclease family protein	Reprimido	
Sb01g014520	AP2/B3-like transcriptional factor family protein		Induzido
Sb01g035970	Transcription factor SCREAM-like protein		Induzido
Sb01g041300	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases superfamily protein		Induzido
Sb01g045560	Interferon-activable protein 203 isoform X1		Induzido
Sb01g048380	LCR69 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor		Induzido
Sb02g001130	Peroxidase 50 (PER50) (P50) (PRXR2)		Induzido
Sb03g027360	BAT1 (BIDIRECTIONAL AMINO ACID TRANSPORTER 1); amino acid transmembrane transporter		Induzido
Sb04g030510	RL6 (RAD-LIKE 6); transcription factor		Induzido

Sb06g032280	ICE1 (INDUCER OF CBF EXPRESSION 1); DNA binding / transcription activator/ transcription factor	Induzido
Sb09g018790	Gibberellin-responsive protein, putative	Induzido
Sb09g024260	Unknown protein	Induzido
Sb10g004080	Putative embryogenesis transmembrane protein-like	Induzido
Sb10g028120	PSBO2 (PHOTOSYSTEM II SUBUNIT O-2); oxygen evolving/ poly(U) binding	Induzido
Sb09g020200	WAT1-related protein At5g07050-like	2,776
Sb01g030130	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein	1,889
Sb01g049600	Pentatricopeptide repeat-containing protein At3g53170	1,772
Sb02g040590	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing protein	1,644
Sb03g045980	GLP5 (GERMIN-LIKE PROTEIN 5); manganese ion binding / nutrient reservoir	1,625
Sb09g019590	ATP binding / microtubule motor	1,591
Sb01g047750	ICK6 (INHIBITOR/INTERACTOR WITH CYCLIN-DEPENDENT KINASE)	1,590
Sb09g029550	HB28 (HOMEBOX PROTEIN 28); DNA binding / transcription factor	1,572
Sb01g026960	Aldo/keto reductase, putative	1,418
Sb02g035660	Fh5 (FORMIN HOMOLOG5); actin binding	1,277
Sb09g021590	TLP10 (TUBBY LIKE PROTEIN 10); phosphoric diester hydrolase/ transcription factor	1,256
Sb03g035890	Thylakoid lumenal P17.1 protein	1,231
Sb02g030220	FUC1 (alpha-L-fucosidase 1); alpha-L-fucosidase	1,223
Sb06g001140	Subtilase family protein	1,222
Sb09g030130	Pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein	1,211
Sb01g043000	Unknown protein	1,154
Sb01g000446	Pentatricopeptide repeat-containing protein/DUF1499 domain-containing protein	1,087
Sb03g006330	Putative thylakoid lumenal 15 kDa protein 1, chloroplastic	1,083
Sb10g023160	Transferase family protein	1,071

Sb06g022270	Methyltransferase-like protein 13	1,049
Sb04g021640	Probable sodium/metabolite cotransporter BASS4, chloroplastic	0,965
Sb01g039550	Dof-type zinc finger domain-containing protein	0,904
Sb04g008740	CID8 (CTC-INTERACTING DOMAIN 8); RNA binding / protein binding	-0,785
Sb01g046580	PSAT; O-phospho-L-serine:2-oxoglutarate aminotransferase	-0,809
Sb05g001760	MATE efflux family protein	-0,828
Sb02g006000	RIBOSOMAL RNA PROCESSING 5	-0,838
Sb01g010670	Integral membrane protein DUF6 containing protein/EamA domain-containing protein	-0,838
Sb06g032500	ARF6 (AUXIN RESPONSE FACTOR 6); transcription factor	-0,848
Sb01g007560	Alpha-glucan phosphorylase 1	-0,853
Sb04g021590	CCH (COPPER CHAPERONE); copper chaperone	-0,864
Sb08g002690	Non-specific lipid-transfer protein 1	-0,868
Sb03g008870	Hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	-0,869
Sb02g022510	Sulfite exporter TauE/SafE family protein	-0,879
Sb02g041590	Putative structural constituent of ribosome protein	-0,886
Sb01g006320	Inosine-5'-monophosphate dehydrogenase, putative	-0,894
Sb03g001680	Splicing factor 3B subunit 1	-0,917
Sb01g027250	PTR2 (PEPTIDE TRANSPORTER 2)	-0,920
Sb08g004990	AAP3; amino acid transmembrane transporter	-0,945
Sb03g046370	RRP12-like protein/ribosomal RNA-processing protein 12-like	-0,947
Sb02g020710	Disease resistance protein (NBS-LRR class), putative	-0,982
Sb04g022120	U-box domain-containing protein	-0,985
Sb03g034670	WRKY65; transcription factor	-1,007
Sb02g039660	DAHP: 2-dehydro-3-deoxyphosphoheptonate aldolase, putative	-1,009
Sb03g030250	DNA ligase-like protein, putative (DUF1645)	-1,037

Sb06g021970	CLASP (CLIP-ASSOCIATED PROTEIN); binding	-1,044
Sb10g027370	GLR3.4; Glutamate receptor 3.4; intracellular ligand-gated ion channel	-1,060
Sb08g023150	AATP1 (AAA-ATPase 1); ATP binding / ATPase/ nucleoside-triphosphatase/ nucleotide binding	-1,104
Sb07g019240	Haloacid dehalogenase-like hydrolase family protein	-1,153
Sb06g019160	ASB1 (ANTHRANILATE SYNTHASE BETA SUBUNIT 1); anthranilate synthase	-1,175
Sb04g005800	F-box family protein	-1,194
Sb01g049160	Metal ion binding	-1,206
Sb01g027040	PTR2 (PEPTIDE TRANSPORTER 2); dipeptide transporter	-1,207
Sb07g004690	OMT1 (O-METHYLTRANSFERASE 1)	-1,222
Sb01g034240	Protein LTV1 homolog	-1,230
Sb02g031170	Ribonuclease T2 family protein	-1,245
Sb01g037370	FIP1[III]-like protein	-1,289
Sb10g020525	DEAD box RNA helicase (RH26)	-1,373
Sb02g002640	Inosine-5'-monophosphate dehydrogenase, putative	-1,391
Sb10g004700	Binding / clathrin binding / protein binding / protein transporter	-1,405
Sb06g014340	Cysteine-rich RLK (RECEPTOR-like protein kinase) 25	-1,443
Sb02g027200	ATL6; protein binding / zinc ion binding	-1,447
Sb10g029130	ARF19 (AUXIN RESPONSE FACTOR 19); DNA binding / transcription factor	-1,488
Sb06g003310	RING/FYVE/PHD zinc finger superfamily protein	-1,545
Sb02g032290	Ecotropic viral integration site 5 protein	-1,625
Sb03g025140	Putative translation initiation factor IF-2-like	-1,745
Sb02g022090	Protein phosphatase 2C, putative / PP2C, putative	-2,470
Sb01g012390	NADH-ubiquinone oxidoreductase chain 5	Reprimido
Sb01g016880	MBAC1; L-histidine transmembrane transporter	Reprimido
Sb02g023210	J20 (DNAJ-LIKE 20); heat shock protein binding	Reprimido

Sb02g043720	cAMP-regulated phosphoprotein 19-related protein	Reprimido	
Sb03g010710	GDP dissociation inhibitor family protein / Rab GTPase activator family protein	Reprimido	
Sb03g036960	Unknown protein	Reprimido	
Sb06g001800	Auxin-responsive protein, putative / small auxin up RNA (SAUR_B)	Reprimido	
Sb07g024690	Putative golgin subfamily A member 3-like/ DUF241 domain protein, putative (DUF241)	Reprimido	
Sb08g021150	Protein kinase family protein	Reprimido	
Sb10g004110	Histone H3	Reprimido	
Sb10g026310	Methionyl-tRNA synthetase	Reprimido	
Sb01g011240	Glycine-rich RNA-binding protein 7		Induzido
Sb01g022440	KDR (KIDARI); transcription regulator		Induzido
Sb01g028960	H2AXA; DNA binding		Induzido
Sb02g004830	C-Myc-binding protein		Induzido
Sb08g001830	MIF2 (MINI ZINC FINGER 2); DNA binding		Induzido
Sb10g003275	Unknown protein		Induzido
Sb05g026580	GPAT2 (GLYCEROL-3-PHOSPHATE ACYLTRANSFERASE 2); acyltransferase		1,376
Sb10g002300	Leucine-rich repeat transmembrane protein kinase, putative		1,219
Sb03g008510	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing protein		1,184
Sb08g018580	MYB111 (MYB DOMAIN PROTEIN 111); DNA binding / transcription factor		1,159
Sb01g036556	SPK1 (SPIKE1); GTP binding / GTPase binding / guanyl-nucleotide exchange factor		1,142
Sb06g032070	Phospholipid/glycerol acyltransferase family protein		1,041
Sb01g034860	Rhomboid protein-related		1,038
Sb07g021090	UGT85A2 (UDP-glucosyl transferase 85A2)		1,035
Sb04g026470	WAK5 (WALL ASSOCIATED KINASE 5); kinase/ protein serine/threonine kinase		1,003
Sb01g038780	RHL2 (ROOT HAIRLESS 2); ATP binding / DNA binding		0,984

Sb06g015500	Calcineurin-like phosphoesterase family protein	0,965
Sb07g021300	Nucleotide-diphospho-sugar transferases superfamily protein	0,943
Sb03g025610	Receptor serine/threonine kinase, putative	0,918
Sb03g013350	GDSL-motif lipase/hydrolase family protein	0,836
Sb09g017970	MFP2 (MULTIFUNCTIONAL PROTEIN 2); 3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase/ enoyl-CoA hydratase	0,801
Sb05g023920	UCC1 (UCLACYANIN 1); copper ion binding / electron carrier	0,784
Sb09g030570	Plant cysteine oxidase 2	0,764
Sb02g030270	MVA1; acetyl-CoA C-acetyltransferase/ hydroxymethylglutaryl-CoA synthase	0,764
Sb01g046120	Protein SULFUR DEFICIENCY-INDUCED 2	0,763
Sb01g029465	Flavin-containing monooxygenase family protein / FMO family protein	0,759
Sb04g007390	ATATH6; ATPase, coupled to transmembrane movement of substances / transporter	0,751
Sb01g000760	3' exoribonuclease family domain 1-containing protein	0,739
Sb03g033890	UDP-glucuronosyl/UDP-glucosyl transferase family protein	0,713
Sb04g009640	Cytoplasmic tRNA 2-thiolation protein	0,670
Sb02g004230	Endonuclease/exonuclease/phosphatase family protein	0,642
Sb01g004610	Lipid transfer protein-related	0,631
Sb01g049540	Mitochondrial inner membrane protein OXA1-like	0,610
Sb06g028190	RNA binding / nucleic acid binding / nucleotide binding	0,603
Sb01g033250	Trimethylguanosine synthase	0,597
Sb01g012510	GN (GNOM); GTP:GDP antiporter/ protein homodimerization	0,592
Sb06g017910	Unknown protein	0,591
Sb03g044190	Transmembrane protein	0,587
Sb10g029300	Chloroplast thylakoid lumen protein	-0,494

Sb01g050510	Formyltetrahydrofolate deformylase/ hydroxymethyl-, formyl- and related transferase	-0,552
Sb02g042680	PSBX (photosystem II subunit X)	-0,556
Sb02g008100	PRLI-interacting factor, putative	-0,573
Sb01g006220	Reticulon-like protein B8	-0,589
Sb01g043090	SNAP33 (SOLUBLE N-ETHYLMALEIMIDE-SENSITIVE FACTOR ADAPTOR PROTEIN 33)	-0,602
Sb04g026580	CNGC15; calmodulin binding / cation channel/ cyclic nucleotide binding	-0,611
Sb07g027460	PP7 (SERINE/THREONINE PHOSPHATASE 7); protein serine/threonine phosphatase	-0,623
Sb02g039970	Amine oxidase family protein	-0,637
Sb01g002740	4-alpha-hydroxytetrahydrobiopterin dehydratase	-0,670
Sb07g021290	MYR1 (MYb-related protein 1); transcription factor	-0,690
Sb02g021133	Plant cysteine oxidase 5	-0,690
Sb05g003480	RBCS1A (RIBULOSE BISPHTOPHATE CARBOXYLASE SMALL CHAIN 1A)	-0,698
Sb07g021900	Transcription factor UPBEAT1	-0,729
Sb10g005490	FAD-dependent oxidoreductase family protein	-0,733
Sb10g011170	RLK (receptor lectin kinase); kinase	-0,744
Sb06g024910	HMA5 (HEAVY METAL ATPASE 5); ATPase	-0,761
Sb04g006510	Protein ABHD18 (Abhydrolase Domain Containing 18)	-0,761
Sb01g020090	Zinc finger (GATA type) family protein	-0,773
Sb08g006600	scpl20 (serine carboxypeptidase-like 20); serine-type carboxypeptidase	-0,780
Sb01g029150	Matrix metalloproteinase, putative	-0,792
Sb02g029910	PHD finger protein rhinoceros	-0,812
Sb01g040650	Putative Imidazole glycerol phosphate synthase subunit HisH	-0,819
Sb03g034700	Coiled-coil domain-containing protein 25-like	-0,844
Sb01g037670	MYB12 (MYB DOMAIN PROTEIN 12); DNA binding / transcription activator/ transcription factor	-0,914

Sb02g002850	Oxidoreductase family protein	-0,917	
Sb03g029190	CA2 (CARBONIC ANHYDRASE 2); carbonate dehydratase/ zinc ion binding	-1,021	
Sb01g011460	UPSTREAM OF FLC protein (DUF966)	-1,049	
Sb01g043580	Unknown protein	-1,058	
Sb09g006520	Transmembrane protein, putative	-1,121	
Sb02g028900	Sarcosine oxidase family protein	-1,242	
Sb06g032710	Zinc finger (DHHC type) family protein	-1,483	
Sb04g034330	Nodulin MtN21 family protein	-1,741	
Sb06g016770	Cellulose synthase-like protein H1	-2,381	
Sb02g040030	Putative auxin responsive SAUR protein		Induzido
Sb04g031390	Leucine-tRNA ligase		Induzido
Sb09g001176	PGR5-like protein 1A, chloroplastic		Induzido
Sb10g004465	E3 SUMO-protein ligase		Induzido
Sb08g020510	SOS4 (SALT OVERLY SENSITIVE 4); kinase/ pyridoxal kinase		1,872
Sb03g034660	Phosphate translocator-related		1,245
Sb09g001210	BASIC CHITINASE		1,196
Sb0112s002010	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein		0,681
Sb01g049700	RNA-binding protein EIF1AD (LOC101764763), mRNA		0,575
Sb04g037380	Zinc ion binding		0,572
Sb08g001600	UV radiation resistance-associated		0,547
Sb03g007330	ENDO4 (endonuclease 4)		0,539
Sb06g029890	Wound-responsive family protein		0,536
Sb08g006800	RLP7 (Receptor Like Protein 7); kinase/ protein binding		0,492
Sb10g004580	RAP2.10 (related to AP2 10); DNA binding / transcription factor		0,475
Sb06g023360	Mannitol transporter, putative		0,460
Sb01g049200	ALIS1 (ALA-INTERACTING SUBUNIT 1); phospholipid transporter		0,444
Sb03g041120	Probable ion channel POLLUX		0,431

Sb04g001760	TPS14 (TERPENE SYNTHASE 14); S-linalool synthase	0,413
Sb04g025540	Calcium-binding EF hand family protein	0,392
Sb08g018493	Zinc finger C3H1 domain protein	0,391
Sb05g000630	Protein DETOXIFICATION 45/MATE efflux family protein	0,378
Sb10g028440	Lectin protein kinase, putative	0,369
Sb07g004810	POLGAMMA2 (polymerase gamma 2); DNA binding / DNA-directed DNA polymerase	0,361
Sb02g007220	Ricin	0,341
Sb05g002600	NRPE5; DNA binding / DNA-directed RNA polymerase	0,301
Sb01g043470	BTB/POZ domain-containing protein	-0,253
Sb02g030590	Putative homer protein	-0,263
Sb09g022260	Putative tetrapeptide Repeat Homeobox Like	-0,265
Sb04g004700	IMPL1 (MYO-INOSITOL MONOPHOSPHATASE LIKE 1)	-0,280
Sb04g004850	CYP97B3; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding	-0,284
Sb02g037620	mitochondrial transcription termination factor family protein / mTERF family protein	-0,302
Sb04g034850	S-norcochlorine synthase	-0,302
Sb09g029560	Protein RADIALIS-like 4/MYB-related gene family	-0,317
Sb05g022895	KCS20 (3-KETOACYL-COA SYNTHASE 20); fatty acid elongase	-0,324
Sb08g006710	Leucine-rich repeat family protein / protein kinase family protein	-0,328
Sb01g050170	SKP1-like 21; protein binding / ubiquitin-protein ligase	-0,331
Sb02g034910	Protein LHCP TRANSLOCATION DEFECT; Ankyrin repeat family protein	-0,334
Sb07g020400	HXXXD-type acyl-transferase family protein	-0,342
Sb02g038330	EID1-like F-box protein 2	-0,348
Sb08g016690	PAP12 (PURPLE ACID PHOSPHATASE 12); acid phosphatase/ protein serine/threonine phosphatase	-0,349
Sb01g033100	Jacalin lectin family protein	-0,350
Sb04g007710	TET2 (TETRASPANIN2)	-0,352

Sb02g028580	3-beta-hydroxy-delta5-steroid dehydrogenase/ binding / catalytic/ cinnamoyl-CoA reductase	-0,357
Sb09g000380	Putative HMG box-containing protein 4	-0,362
Sb10g026180	Pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein	-0,368
Sb06g032830	Thioredoxin X, chloroplastic; enzyme activator	-0,369
Sb01g009660	Dipeptide transport ATP-binding protein dppF	-0,379
Sb06g032820	Plastid division protein CDP1 chloroplastic	-0,385
Sb07g019250	5'-AMP-activated protein kinase beta-1 subunit-related	-0,386
Sb08g022310	Phytoene synthase (PSY) / geranylgeranyl-diphosphate geranylgeranyl transferase	-0,402
Sb02g032390	Putative E3 ubiquitin-protein ligase RF298; RING finger protein 298	-0,433
Sb01g018440	Leucine-rich repeat transmembrane protein kinase, putative	-0,433
Sb10g002970	FSD3 (FE SUPEROXIDE DISMUTASE 3); superoxide dismutase	-0,454
Sb04g025240	CLV2 (clavata 2); protein binding / receptor signaling protein	-0,456
Sb03g006620	Leucine-rich repeat protein-related	-0,481
Sb04g029170	NIK1 (NSP-INTERACTING KINASE 1); kinase	-0,504
Sb06g017610	Protein phosphatase methylesterase 1	-0,528
Sb05g000510	Probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase MRH1	-0,565
Sb03g003560	F-box family protein	-0,571
Sb06g024830	Glycerol-3-phosphate transporter, putative	-0,594
Sb03g043470	ATTAP1; ATPase, coupled to transmembrane movement of substances / transporter	-0,610
Sb09g025940	Aminoacyl-tRNA hydrolase	-0,621
Sb03g001490	JAR1 (JASMONATE RESISTANT 1)	-0,643
Sb04g021920	Invertase/pectin methylesterase inhibitor family protein	-0,712
Sb10g003310	MAP kinase kinase MKK2	-0,775
Sb01g006950	CASP-like protein 5C1	-0,907

Sb01g032240	DNA binding protein/AT-rich interactive domain-containing protein 2	-1,148	
Sb06g020200	Surfeit locus protein 2 (SURF2)	-2,391	
Sb01g012300	Glycine-rich RNA-binding protein 2-like		Reprimido
Sb01g014196	FLK (flowering locus KH domain); RNA binding / nucleic acid binding		Induzido
Sb01g018740	GEM-like protein 4		Induzido
Sb01g019190	Transmembrane protein, putative		Induzido
Sb01g020300	Short-chain dehydrogenase/reductase (SDR) family protein		Induzido
Sb01g033170	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein		Induzido
Sb01g035700	PPAN (PETER PAN-LIKE PROTEIN)		Induzido
Sb02g029580	Putative transcription elongation factor		Induzido
Sb03g005200	40S ribosomal protein		Induzido
Sb03g028530	WRKY71; transcription factor		Induzido
Sb04g004690	PGK (PHOSPHOGLYCERATE KINASE); phosphoglycerate kinase		Induzido
Sb04g024950	BT1 (BTB AND TAZ DOMAIN PROTEIN 1); protein binding / transcription regulator		Induzido
Sb04g036020	Ethylene-responsive element-binding protein, putative		Induzido
Sb05g002960	PHYTOSULFOKINE 3 PRECURSOR		Induzido
Sb05g004170	AP2 domain-containing transcription factor family protein		Induzido
Sb05g016880	Glucuronoxylan 4-O-methyltransferase 1		Induzido
Sb06g004280	Transketolase, putative		Induzido
Sb06g016945	NBS-LRR resistance-like protein		Induzido
Sb06g026350	Oxidoreductase, 2OG-Fe(II) oxygenase family protein		Induzido
Sb07g004470	Terpene synthase/cyclase family protein		Induzido
Sb07g006896	Unknown protein		Induzido
Sb07g022730	Protein HVA22-like isoform X1		Induzido
Sb07g023290	Vegetative cell wall protein gp1-like		Induzido

Sb08g003400	CYP71B23; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding	Induzido	
Sb08g022490	ATOSM34 (osmotin 34)	Induzido	
Sb10g020019	SWEETIE (SWEETIE); binding	Induzido	
Sb06g029200	AT hook motif family protein		13,35
Sb03g001130	AAA-type ATPase family protein/P-loop nucleoside triphosphate hydrolase superfamily protein		2,85
Sb01g013520	NCED3 (NINE-CIS-EPOXYCAROTENOID DIOXYGENASE 3); 9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase		2,77
Sb03g011300	CO(2)-response secreted protease/Subtilisin-like serine protease		2,74
Sb06g029860	Wound-responsive family protein		2,71
Sb09g004240	Putative disease resistance RPP13-like protein 3		2,68
Sb06g029880	Wound-responsive family protein		2,65
Sb07g023620	Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 15a-like protein		2,61
Sb07g022250	Respiratory burst oxidase protein E (RbohE) / NADPH oxidase		2,49
Sb03g033640	WRKY65; transcription factor		2,45
Sb01g010510	ARPN (PLANTACYANIN); copper ion binding / electron carrier		2,17
Sb01g000357	TOPP1 (TYPE ONE PROTEIN PHOSPHATASE 1); protein serine/threonine phosphatase		2,13
Sb10g028070	EXLB2 (EXPANSIN-LIKE B2 PRECURSOR)		2,11
Sb01g007360	Gibberellin-regulated family protein		2,04
Sb02g040440	Low temperature viability protein		1,82
Sb09g026865	Protein phosphatase 2C 16; Protein HYPERSENSITIVE TO ABA 1		1,82
Sb10g012180	Transmembrane protein, putative		1,80
Sb04g000620	BETAFRUCT4; beta-fructofuranosidase/ hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds		1,70
Sb10g025740	NADPH HC toxin reductase		1,72
Sb10g021160	CAT8 (CATIONIC AMINO ACID TRANSPORTER 8)		1,67

Sb01g017300	Serine carboxypeptidase S28 family protein	1,63
Sb10g030773	SBE2.1 (starch branching enzyme 2.1); 1,4-alpha-glucan branching enzyme	1,63
Sb10g004685	Pre-mRNA-processing-splicing factor	1,63
Sb02g036360	F-box family protein	1,52
Sb01g044550	Rab GTPase homolog A4a; GTP binding	1,52
Sb06g020410	Group II intron splicing factor CRS1-related	1,52
Sb10g028960	ABC1 family protein	1,47
Sb01g038660	Phosphatidylinositol transfer protein	1,47
Sb05g000445	Clathrin heavy chain, putative	1,47
Sb04g027720	Type I inositol polyphosphate 5-phosphatase 5	1,46
Sb02g036310	STP1 (SUGAR TRANSPORTER 1); carbohydrate transmembrane transporter	1,39
Sb01g009340	Prostamide/prostaglandin F synthase-like/Thioredoxin superfamily protein	1,39
Sb01g042040	BCAT3 (BRANCHED-CHAIN AMINOTRANSFERASE 3)	1,39
Sb02g013010	MYB73 (MYB DOMAIN PROTEIN 73); DNA binding / transcription factor	1,29
Sb08g001550	Aminotransferase-like, plant mobile domain family protein	1,29
Sb09g027223	DNA-directed RNA polymerase	1,29
Sb08g017680	Unknown protein	1,29
Sb04g031050	XTR4 (XYLOGLUCAN ENDOTRANSGLYCOSYLASE 4)	1,16
Sb07g022500	OPR3 (OPDA-REDUCTASE 3); 12-oxophytodienoate reductase	1,15
Sb04g031230	PLATZ transcription factor family protein	1,15
Sb07g021980	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase 3, chloroplastic-like	1,10
Sb01g042380	Alpha,alpha-trehalose-phosphate synthase [UDP-forming] 6	1,06
Sb08g017000	ACP4 (acyl carrier protein 4); acyl carrier	-1,02
Sb03g006310	Thylakoid lumenal 15 kDa protein, chloroplast	-1,02

Sb01g006910	RPS9 (RIBOSOMAL PROTEIN S9); structural constituent of ribosome	-1,04
Sb06g019430	Indole-3-glycerol phosphate synthase, putative	-1,04
Sb09g019980	Putative PH-response transcription factor	-1,05
Sb09g020060	Putative Small EDRK-rich factor 2	-1,05
Sb03g008330	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase cyclophilin-type family protein	-1,06
Sb03g011420	F-box family protein	-1,07
Sb02g002950	High-light-induced protein, chloroplastic	-1,07
Sb09g019290	Probable transmembrane GTPase FZO-like, chloroplastic	-1,08
Sb02g003910	Glycosyl hydrolase family 17 protein	-1,08
Sb06g026990	33 kDa ribonucleoprotein, chloroplast, putative / RNA-binding protein cp33, putative	-1,09
Sb04g021830	Chaperone protein dnaJ-related	-1,09
Sb04g034880	Heavy-metal-associated domain-containing protein	-1,09
Sb10g002990	FATB (fatty acyl-ACP thioesterases B); acyl carrier/ acyl-[acyl-carrier-protein] hydrolase	-1,09
Sb03g045320	PSB28 (PHOTOSYSTEM II REACTION CENTER PSB28 PROTEIN)	-1,09
Sb03g046660	CH1 (CHLORINA 1); chlorophyllide a oxygenase	-1,10
Sb08g001160	IMS1 (2-ISOPROPYLMALATE SYNTHASE 1); 2-isopropylmalate synthase	-1,10
Sb06g031460	GS2 (GLUTAMINE SYNTHETASE 2); glutamate-ammonia ligase	-1,11
Sb03g035235	Protein CURVATURE THYLAKOID 1C	-1,11
Sb01g046730	Monooxygenase, putative (MO2)	-1,11
Sb06g018630	Monosaccharide transporter, putative	-1,11
Sb05g003630	NDR1/HIN1-like protein/Late embryogenesis abundant protein, LEA-14	-1,12
Sb06g032740	Magnesium-chelatase subunit chlH, chloroplast, putative	-1,13
Sb07g025200	TraB domain-containing protein	-1,13

Sb03g002130	CAT5 (CATIONIC AMINO ACID TRANSPORTER 5)	-1,13
Sb01g046650	Heavy metal transport/detoxification superfamily protein	-1,14
Sb01g048560	Pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein	-1,14
Sb01g017890	Thylakoid lumenal 17.4 kDa protein, chloroplast	-1,14
Sb08g003300	GUN4; enzyme binding / tetrapyrrole binding	-1,14
Sb01g014930	Subtilisin-like protease SBT1.7	-1,15
Sb04g008910	Chalcone-flavanone isomerase-related	-1,15
Sb04g026940	NIT4 (NITRILASE 4)	-1,15
Sb06g015150	Protein phosphatase 2C-related / PP2C-related	-1,15
Sb03g011310	PSRP5 (PLASTID-SPECIFIC 50S RIBOSOMAL PROTEIN 5)	-1,16
Sb06g018690	Chaperone protein dnaJ-related	-1,16
Sb02g037370	Homogentisate farnesyltransferase/ homogentisate geranylgeranyltransferase	-1,17
Sb04g027550	Ribosomal protein L29 family protein	-1,17
Sb06g016450	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	-1,18
Sb01g047790	Translation initiation factor	-1,20
Sb02g030190	ycf49-like protein	-1,20
Sb10g003890	GDSL-motif lipase/hydrolase family protein	-1,20
Sb07g025510	FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	-1,20
Sb03g001750	DJ-1 family protein	-1,21
Sb03g024890	Aspartate-glutamate racemase family	-1,21
Sb03g040100	SBPASE (sedoheptulose-bisphosphatase)	-1,21
Sb08g019480	CYP81D1; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding	-1,21
Sb04g022180	GDSL-motif lipase, putative	-1,30
Sb07g027500	Photosystem II reaction center PsbP family protein	-1,30
Sb03g031940	XPL1 (XIPOTL 1); methyltransferase/ phosphoethanolamine N-methyltransferase	-1,30

Sb06g000260	CYP93D1; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding	-1,3
Sb07g027180	Chaperone protein dnaJ-related	-1,3
Sb02g022540	Leucine-rich repeat transmembrane protein kinase, putative	-1,3
Sb08g000420	CCR3 (CRINKLY4 RELATED 3); kinase	-1,3
Sb10g009380	Plastid movement impaired protein	-1,3
Sb10g026450	BZIP9 (BASIC LEUCINE ZIPPER 9); DNA binding / protein heterodimerization/ transcription factor	-1,3
Sb01g010830	BGLU44 (B-S GLUCOSIDASE 44)	-1,3
Sb01g014800	LBD37 (LOB DOMAIN-CONTAINING PROTEIN 37)	-1,4
Sb01g006300	FAH1 (FATTY ACID HYDROXYLASE 1); catalytic/ fatty acid alpha-hydroxylase	-1,4
Sb05g004920	Unknown protein	-1,4
Sb08g019720	Myb family transcription factor	-1,4
Sb08g000800	F-box family protein (FBL3)	-1,4
Sb10g007430	Copper ion binding protein	-1,5
Sb01g030800	GSTU18 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 18); glutathione transferase	-1,5
Sb02g043140	Calcium-binding protein, putative	-1,6
Sb05g002710	UGT75B1 (UDP-GLUCOSYLTRANSFERASE 75B1)	-1,7
Sb02g041170	Transmembrane protein, putative (DUF679 domain membrane protein 2) [-1,8
Sb03g035380	CRR7 (CHLORORESPIRATORY REDUCTION 7)	-1,9
Sb03g040110	UPF0503 protein At3g09070, chloroplastic-like	-2,0
Sb06g017470	Protein NRT1/ PTR FAMILY 4.4	-2,1
Sb02g009830	Antifungal protein ginkbilobin-2-like	-2,1
Sb09g024770	CNGC4 (CYCLIC NUCLEOTIDE-GATED CATION CHANNEL 4); calmodulin binding	-2,3
Sb07g028780	FLA1 (FASCICLIN-LIKE ARAB INOGALACTAN 1)	-2,5
Sb01g029260	EXPB2 (EXPANSIN B2)	-2,6
Sb10g021890	CASP-like protein (DUF1677)	-2,7

Sb08g003100	Calmodulin-binding family protein					
Sb01g012870	WRKY71; transcription factor					Reprimido
Sb01g036120	BZIP52 (basic leucine zipper 52); DNA binding / transcription factor					Reprimido
Sb01g042210	Calcium uniporter protein 2					Reprimido
Sb02g028968	zf-BED domain-containing protein/DUF659 domain-containing protein/ hAT transposon superfamily					Reprimido
Sb03g001335	DNA binding / protein dimerization					Reprimido
Sb03g005560	Probable carboxylesterase 15					Reprimido
Sb03g027127	Unknown protein					Reprimido
Sb04g007050	Kelch repeat-containing F-box family protein					Reprimido
Sb04g029060	Protein binding / zinc ion binding					Reprimido
Sb06g020810	Basic helix-loop-helix (bHLH) family protein					Reprimido
Sb06g031430	Unknown protein					Reprimido
Sb07g020020	Heavy-metal-associated domain-containing protein / copper chaperone (CCH)-related					Reprimido
Sb09g018790	Gibberellin-responsive protein, putative					Reprimido
Sb01g003005	Sugar transporter family protein	Induzido	Induzido	Induzido		
Sb01g015800	Unknown protein	Induzido	Induzido	Induzido		
Sb01g037590	Multidrug resistance protein ABC transporter family protein	Induzido	Induzido			
Sb02g003250	Outer envelope membrane protein 7	Induzido				Induzido
Sb03g009500	40S ribosomal protein	Induzido		Induzido		
Sb03g011080	Group 3 late embryogenesis abundant protein/embryonic protein DC-8-like	Induzido		Induzido		
Sb05g001000	Peroxidase, putative			-0,786		Induzido
Sb04g008190	Protein NUCLEAR FUSION DEFECTIVE 6, chloroplastic/mitochondrial-like isoform X1	Induzido	Induzido		Induzido	
Sb04g032880	Protein NUCLEAR FUSION DEFECTIVE 6, chloroplastic/mitochondrial-like isoform X1	Induzido				Reprimido
Sb08g000650	DNA mismatch repair protein	Induzido			Induzido	
Sb10g030100	Putative membrane lipoprotein	Induzido			Induzido	

Sb02g036540	SRF3 (STRUBBELIG-RECEPTOR FAMILY 3); ATP binding / kinase/ protein serine/threonine kinase	2,892		-0,850		
Sb02g036540.1	SRF3 (STRUBBELIG-RECEPTOR FAMILY 3); ATP binding / kinase/ protein serine/threonine kinase	-1,053		2,751		
Sb08g003510	DCP1 (decapping 1); m7G(5')pppN diphosphatase/ protein homodimerization	2,720				
Sb08g003510.1	DCP1 (decapping 1); m7G(5')pppN diphosphatase/ protein homodimerization	-0,608				
Sb07g014650	MKK3 (MITOGEN-ACTIVATED PROTEIN KINASE KINASE 3); MAP kinase kinase	2,333				
Sb07g014650.1	MKK3 (MITOGEN-ACTIVATED PROTEIN KINASE KINASE 3); MAP kinase kinase	-0,724				
Sb09g026910	NAP1;2 (NUCLEOSOME ASSEMBLY PROTEIN 1;2); DNA binding / binding	1,639	1,386		-1,142	
Sb07g024290	FAR1 (FATTY ACID REDUCTASE 1); fatty acyl-CoA reductase (alcohol-forming)	-0,290	0,950	-0,756	-0,470	-1,7
Sb01g035360	TLP3 (TUBBY LIKE PROTEIN 3); phosphoric diester hydrolase/ transcription factor	1,532		-0,813		
Sb01g035360.1	TLP3 (TUBBY LIKE PROTEIN 3); phosphoric diester hydrolase/ transcription factor	-0,871		1,263		
Sb10g028250	Cysteine-rich receptor-like protein kinase 10 isoform X1	1,524		-1,517		
Sb03g029290	GRMZM2G063431_T01 drought-responsive lncRNA, complete sequence	-0,555		-2,238		-3,8
Sb02g036180	FUR1 (FUDR RESISTANT 1); nucleoside transmembrane transporter	1,498			-0,571	
Sb07g026080	ARM repeat superfamily protein isoform 2	1,428			1,354	
Sb07g026080.1	ARM repeat superfamily protein isoform 2	-2,017				
Sb03g039930	Phosphatidic acid phosphatase-related / PAP2-related	1,338		1,560		
Sb05g026810	SFR2 (SENSITIVE TO FREEZING 2); beta-glucosidase/ hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds	1,274		1,153		
Sb02g040800	Zinc knuckle (CCHC-type) family protein	1,166		0,976		
Sb02g040800.1	Zinc knuckle (CCHC-type) family protein	-0,869				
Sb04g007800	Vacuolar ATP synthase subunit B, putative	1,160		1,200		
Sb04g007800.1	Vacuolar ATP synthase subunit B, putative	-0,813		-0,927		

Sb04g034070	FT1 (FUCOSYLTRANSFERASE 1); fucosyltransferase/ transferase, transferring glycosyl groups	1,152		0,872		
Sb02g020860	LPP2 (LIPID PHOSPHATE PHOSPHATASE 2); acid phosphatase/ phosphatidate phosphatase	1,151				
Sb02g020860.1	LPP2 (LIPID PHOSPHATE PHOSPHATASE 2); acid phosphatase/ phosphatidate phosphatase	-0,493				
Sb01g018395	Replication protein-related	1,132				-1,242
Sb01g018395.1	Replication protein-related	-0,919				0,962
Sb06g021390	Short-chain dehydrogenase/reductase (SDR) family protein	1,107		1,074		
Sb02g004030	Casein kinase 1-like protein HD16	1,067		-0,700		
Sb02g004030.1	Casein kinase 1-like protein HD16	-0,785		1,145		
Sb06g021800	Dol-P-Glc:Glc(2)Man(9)GlcNAc(2)-PP-Dol alpha-1,2- glucosyltransferase	1,050				-1,552
Sb09g007420	ROP9 (RHO-RELATED PROTEIN FROM PLANTS 9); GTP binding/Rac-like GTP-binding protein 2	1,028		0,947		
Sb09g002210	iqd2 (IQ-domain 2); calmodulin binding	0,999				
Sb09g002210.1	iqd2 (IQ-domain 2); calmodulin binding	-0,516				
Sb07g022420	Protein trichome birefringence-like 16	0,980		1,100		
Sb03g032650	ATPAO5 (Polyamine oxidase 5); amine oxidase/ electron carrier/ oxidoreductase	0,963		1,112		
Sb01g002430	CRT1 (CALRETICULIN 1); calcium ion binding / unfolded protein binding	-1,618	1,139	1,247		
Sb02g039420	Protein WEAK CHLOROPLAST MOVEMENT UNDER BLUE LIGHT 1	0,926		-1,175		
Sb02g039420.1	WEAK CHLOROPLAST MOVEMENT UNDER BLUE LIGHT-like protein	-2,553				
Sb02g036380	LHCB3 (LIGHT-HARVESTING CHLOROPHYLL B- BINDING PROTEIN 3); structural molecule	-0,357	1,019	-0,920	-0,567	-1,9
Sb08g022350	Ethylene-responsive nuclear-like protein, putative	0,900		0,704		
Sb01g001390	MHK; ATP binding / kinase	0,892				-0,616
Sb01g001390.1	MHK; ATP binding / kinase	-1,523				1,019
Sb09g016150	DREB2A; DNA binding / transcription activator/ transcription factor	0,891				-1,350

Sb09g016150.1	DREB2A; DNA binding / transcription activator/ transcription factor	-0,652		0,549	
Sb09g006080	ATMRP6; ATPase, coupled to transmembrane movement of substances	0,878		0,822	
Sb06g024100	RNA recognition motif (RRM)-containing protein	0,877			-0,784
Sb06g024100.1	RNA recognition motif (RRM)-containing protein	-0,797			0,893
Sb08g006770	2-dehydro-3-deoxyphosphooctonate aldolase	0,853			
Sb08g006770.1	2-dehydro-3-deoxyphosphooctonate aldolase	-0,625			
Sb03g035470	uvrB/uvrC motif-containing protein	0,849		-0,760	-1,5
Sb03g035470.1	uvrB/uvrC motif-containing protein	-0,573			
Sb01g028440	DAR GTPase 2, mitochondrial	0,811		0,855	
Sb03g047540	PWWP domain-containing protein	0,780			
Sb03g047540.1	PWWP domain-containing protein	-0,794			0,517
Sb07g015000	Mediator of RNA polymerase II transcription subunit	0,715		1,085	
Sb01g046790	4-coumarate--CoA ligase, putative / 4-coumaroyl-CoA synthase, putative	0,698			
Sb01g046790.1	4-coumarate--CoA ligase, putative / 4-coumaroyl-CoA synthase, putative	-0,301			
Sb02g005600	AAA-type ATPase family protein	0,691	-3,347	0,796	1,5
Sb02g005600.1	AAA-type ATPase family protein	-0,632			
Sb10g029835	Putative midasin-like	0,689		0,627	
Sb06g026040	Zinc finger protein-related	0,669			-1,318
Sb07g020690	Chaperonin-like RBCX protein	0,664		0,597	
Sb03g045590	RNA recognition motif (RRM)-containing protein	0,664		0,821	
Sb03g045590.1	RNA recognition motif (RRM)-containing protein	-2,031			
Sb02g039040	Signal recognition particle-related / SRP-related	0,662			
Sb02g039040.1	Signal recognition particle-related / SRP-related	-0,601			
Sb02g040320	Pseudouridine synthase	0,652		0,599	
Sb03g043950	Hydrolase, alpha/beta fold family protein	0,635			
Sb03g043950.1	Hydrolase, alpha/beta fold family protein	-0,363			
Sb01g034070	KH domain-containing protein	0,631			

Sb01g034070.1	KH domain-containing protein	-0,584			
Sb01g034070.2	KH domain-containing protein	-1,200			
Sb02g000280	PROT1 (PROLINE TRANSPORTER 1); L-proline transmembrane transporter	0,620		0,620	
Sb04g025520	FRS6 (FAR1-related sequence 6); zinc ion binding	0,579			
Sb04g025520.1	FRS6 (FAR1-related sequence 6); zinc ion binding	-0,797			
Sb03g002320	CAD1 (CADMIUM SENSITIVE 1); cadmium ion binding	0,569			-0,439
Sb03g002320.1	CAD1 (CADMIUM SENSITIVE 1); cadmium ion binding		-0,439		
Sb02g033130	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase cyclophilin-type family protein	0,564			-0,608
Sb03g033190	MKK6 (MAP KINASE KINASE 6); MAP kinase kinase/kinase	0,535			-0,295
Sb09g026770	IQD31 (IQ-domain 31); calmodulin binding	0,517			
Sb09g026770.1	IQD31 (IQ-domain 31); calmodulin binding	-0,519			
Sb10g008730	JMT (JASMONIC ACID CARBOXYL METHYLTRANSFERASE); jasmonate O-methyltransferase	0,492	-3,081		3,6
Sb01g028683	Pleckstrin homology (PH) domain-containing protein	0,485		0,559	1,2
Sb02g040080	40S ribosomal protein S9 (RPS9C)	0,475		0,534	
Sb05g012100	Pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein	0,417			
Sb05g012100.1	Pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein	-0,855			
Sb09g022410	protein phosphatase 2C, putative / PP2C, putative	0,382	-3,734	0,659	4,3
Sb02g027270	classical arabinogalactan protein 5-like	0,349			1,1
Sb04g007130	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase cyclophilin-type family protein	0,341			
Sb04g007130.1	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase cyclophilin-type family protein	-0,530			
Sb08g007150	GDSL-motif lipase/hydrolase family protein	0,325	-1,226		1,6
Sb10g030776	SBE2.2 (starch branching enzyme 2.2); 1,4-alpha-glucan branching enzyme	0,320	-1,057		1,4
Sb01g047345	Phosphatidylinositol N-acetylglucosaminyltransferase subunit P-related	0,304			1,0

Sb01g047345.1	Phosphatidylinositol N-acetylglucosaminyltransferase subunit P-related	-2,263				
Sb07g015900	DNA replication complex GINS protein PSF3	0,300	2,926			
Sb08g007690	Signal transducer/transcription protein, putative (DUF1685)	0,276	-1,560	0,530		2,000
Sb03g013420	Beta-fructofuranosidase, putative /	0,274	-2,142	0,543		2,600
Sb07g020090	AP2 domain-containing transcription factor, putative	0,232	-0,839			1,200
Sb03g042440	LOX1; lipoxygenase	0,227	-4,825	0,512		5,300
Sb05g024390	PLP4 (PATATIN-LIKE PROTEIN 4); nutrient reservoir	0,213	-3,665			4,100
Sb06g017800	FRO7 (FERRIC REDUCTION OXIDASE 7); ferric-chelate reductase/ oxidoreductase	-0,205		-0,543		-1,200
Sb06g014880	Anther-specific proline-rich protein APG-like	-0,241	0,949	-0,684	-0,447	-1,600
Sb01g033090	Jacalin lectin family protein	-0,242		-0,489		
Sb07g004050	LOL1 (LSD ONE LIKE 1); DNA binding	-0,269	1,201	-0,956	-0,691	-2,100
Sb10g028790	Macrophage migration inhibitory factor family protein / MIF family protein	-0,319		-0,490		
Sb08g001890	ZEP; zeaxanthin epoxidase isoform	-0,328		-0,557		1,100
Sb09g022620	Riboflavin biosynthesis protein, putative	-0,331		-0,677		-1,400
Sb09g022320	Uracil phosphoribosyltransferase, putative / UMP pyrophosphorylase, putative / UPRTase, putative	-0,334		-0,540		
Sb02g037130	Carboxyl-terminal peptidase precursor	-0,347				-1,000
Sb02g034760	26.5 kDa class P-related heat shock protein (HSP26.5-P)	-0,403		-0,699	-0,300	-1,200
Sb04g011290	Phosphatidylinositol 3- and 4-kinase family protein / ubiquitin family protein	-0,419		-0,558		
Sb03g027030	LHCB1; chlorophyll binding	-0,425	1,464	-1,629	-1,208	-3,000
Sb01g010490	IST1-like protein	-0,427		-0,593		-1,200
Sb01g010490.1	IST1-like protein		-1,288			
Sb02g007460	Cytidine/deoxycytidylate deaminase family protein	-0,447		-0,574		-1,200
Sb01g011070	GCN5-related N-acetyltransferase (GNAT) family protein	-0,453		-0,544		
Sb08g023120	LOX5; electron carrier/ iron ion binding / lipoxygenase/ metal ion binding / oxidoreductase	-0,455		-0,644		-1,100

Sb10g007600	23.5 kDa mitochondrial small heat shock protein (HSP23.5-M)	-0,458		-0,790		-1,52
Sb01g006250	Pentatricopeptide repeat-containing protein At4g21300	-0,465		-0,712		
Sb07g028560	SEC14 cytosolic factor, putative / phosphoglyceride transfer protein, putative	-0,489	0,881	-0,836		-1,72
Sb03g026020	LUT2 (LUTEIN DEFICIENT 2); lycopene epsilon cyclase	-0,492		-0,535		
Sb09g001020	Protease inhibitor, putative	-0,497	-2,506		0,848	2,88
Sb06g027620	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein	-0,500		-0,795		-1,52
Sb09g025790	TPS1 (TREHALOSE-6-PHOSPHATE SYNTHASE)	-0,507		-0,683		-1,22
Sb02g030500	UGE1 (UDP-D-glucose/UDP-D-galactose 4-epimerase 1)	-0,510		-0,757		-1,42
Sb04g020240	60S ribosomal protein L35 (RPL35D)	-0,512		-0,568		
Sb05g018810	Endosomal targeting BRO1-like domain-containing protein	-0,516		-0,609		
Sb09g025290	Putative lysine-tRNA ligase	-0,529		-0,685		-1,12
Sb04g006766	Ribosomal protein L12 family protein	-0,532		-0,630		
Sb03g039370	SLT1 (sodium- and lithium-tolerant 1)	-0,557		-0,580		
Sb04g002360	bZIP transcription factor family protein	-0,560		-0,723		
Sb01g008030	GH3; Glycosyl hydrolase family 3 protein	-0,589	1,399	-1,825	-1,241	-3,22
Sb04g001310	Immunophilin / FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	-0,590		-0,676		-1,12
Sb03g046040	ARR9 (RESPONSE REGULATOR 9); transcription regulator/ two-component response regulator	-0,600	1,069	-0,890		-1,92
Sb08g008330	Putative nucleolar proteingar2-related	-0,603		-0,588		
Sb06g019740	unknown protein	-0,605		-0,874		-1,52
Sb09g025750	Cyclic phosphodiesterase	-0,625			0,413	
Sb04g028930	SAMC1 (S-ADENOSYLMETHIONINE CARRIER 1)	-0,632	0,880	-1,135	-0,507	-2,02
Sb03g041300	ATASE1 (GLN PHOSPHORIBOSYL PYROPHOSPHATE AMIDOTRANSFERASE 1)	-0,692		-0,569		
Sb03g041300	GLN PHOSPHORIBOSYL PYROPHOSPHATE AMIDOTRANSFERASE 1; amidophosphoribosyltransferase	-0,569				

Sb08g019300	CAS1 (cycloartenol synthase 1); cycloartenol synthase	-0,717		-0,945	-1,2
Sb08g019560	NPY2 (NAKED PINS IN YUC MUTANTS 2); protein binding / signal transducer	-0,747		-0,850	-1,4
Sb05g001300	RPT2 (ROOT PHOTOTROPISM 2); protein binding	-0,771		-0,899	-1,3
Sb03g030740	Transcriptional factor B3 family protein / auxin-responsive factor AUX/IAA-like protein	-0,842		-0,762	
Sb06g033610	Unknown protein	-0,845		-0,737	
Sb01g022250	Exonuclease family protein	-0,850		-0,788	
Sb10g006270	Cinnamyl-alcohol dehydrogenase, putative	-0,877		-1,521	
Sb10g007725	PDE318 (pigment defective 318); GTP binding	-0,878		-0,719	-1,5
Sb01g041940	Unknown protein	-0,894		-0,865	
Sb01g028330	Abscisic acid receptor PYL1	-0,907		-1,003	-1,3
Sb06g028490	APO1 (ACCUMULATION OF PHOTOSYSTEM ONE 1)	-0,933		1,164	-2,3
Sb06g028490.2	APO1 (ACCUMULATION OF PHOTOSYSTEM ONE 1)			-1,634	
Sb09g002870	Snurportin-1 protein	-0,942			0,642
Sb09g002870.1	Snurportin-1				-1,057
Sb01g000400	ABC transporter family protein	-0,963		-0,730	
Sb06g015400	Calcineurin-like phosphoesterase family protein	-0,968	-1,139		0,958
Sb07g002320	Kelch repeat-containing F-box family protein	-0,989			-0,360
Sb1058s002010	23.5 kDa mitochondrial small heat shock protein (HSP23.5-M)	-1,020		-1,053	-1,6
Sb02g038400	Cobalamin biosynthesis CobW-like protein	-1,123			0,890
Sb01g048720	ELM2 domain-containing protein / PHD finger family protein	-1,202		-0,931	
Sb02g036120	F-box family protein	-1,274		-1,193	
Sb01g001710	RNA-binding ASCH domain protein	-1,291			0,864
Sb05g027840	UPF0161 protein At3g09310 isoform X1	-1,408		-1,196	
Sb10g028480	Peroxidase, putative	-1,471		-1,041	
Sb01g017940	PIP5K9 (PHOSPHATIDYL INOSITOL MONOPHOSPHATE 5 KINASE)	-1,651			1,712

Sb01g001660	Late embryogenesis abundant family protein / LEA family protein	-3,657	-4,409	-1,192	2,736	2,617
Sb04g030130	Transmembrane protein	Reprimido			Induzido	
Sb02g003400	CST complex subunit TEN1-like		Induzido	Induzido		
Sb02g039330	Ubiquitin-protein ligase		Induzido			Reprimido
Sb04g035716	Unknown protein		Induzido			
Sb02g041246	SAC3/GANP/Nin1/mts3/eIF-3 p25 family		Induzido	Induzido		
Sb02g043260	Hydroxyproline-rich glycoprotein family protein		Induzido			2,017
Sb02g043260.1	Hydroxyproline-rich glycoprotein family protein		-1,764			Reprimido
Sb06g014743	WASH complex subunit strumpellin homolog		Induzido			
Sb07g024600	DUF241 domain protein (DUF241)		Induzido			Reprimido
Sb09g018730	probable glucan endo-1,3-beta-glucosidase		13,438			-14,647
Sb09g005550	Senescence-associated protein-related		3,122			-3,017
Sb02g038470	hydroxyproline-rich glycoprotein family protein		1,987			-2,517
Sb01g010700	FAF-like protein (DUF3049)		1,969			-1,757
Sb04g023230	Pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein		1,756		-0,707	-1,667
Sb05g025640	Leucine-rich repeat family protein		1,724			-2,117
Sb06g032600	ARR6 (RESPONSE REGULATOR 6); transcription regulator/ two-component response regulator		1,716	-2,693	-2,537	-4,447
Sb03g020210	NAD(P)H-quinone oxidoreductase subunit 3, chloroplastic		1,705			-1,657
Sb08g001140	ARR9 (RESPONSE REGULATOR 9); transcription regulator/ two-component response regulator		1,690		-2,882	
Sb01g045060	RAP2.12; DNA binding / transcription factor		1,657	-2,052	-1,709	-3,717
Sb05g002590	ARR3 (RESPONSE REGULATOR 3); transcription regulator/ two-component response regulator		1,643	-2,020	-1,753	-3,667
Sb04g022677	ACT domain-containing protein ACR3		1,625			-2,417
Sb01g043710	Adenylylsulfate kinase, putative		1,617			-1,867
Sb06g017560	ARR3 (RESPONSE REGULATOR 3); transcription regulator/ two-component response regulator		1,570			-2,217
Sb03g029290	GRMZM2G063431_T01 drought-responsive lncRNA, complete sequence		1,563		-1,687	

Sb02g035200	RP1 (PPDK REGULATORY PROTEIN); phosphoprotein phosphatase/ protein kinase	1,553		-0,574	-2,54
Sb02g035200.1	RP1 (PPDK REGULATORY PROTEIN); phosphoprotein phosphatase/ protein kinase			-0,774	
Sb02g031310	Family II extracellular lipase 3 (EXL3)	1,547			-2,04
Sb02g026050	Transmembrane protein 45B-like	1,542			-1,92
Sb10g028360	GDSL-like Lipase/Acylhydrolase superfamily protein	1,494		-0,554	-2,02
Sb09g025060	DUF1677 domain-containing protein	1,488		-0,440	-1,94
Sb04g007200	ATP synthase epsilon chain, chloroplastic;	1,463			-1,84
Sb06g020740	Protein STAY-GREEN LIKE, chloroplastic	1,447			-1,44
Sb01g024390	Probable glucan 1,3-beta-glucosidase A	1,398	-0,873	-0,686	-2,21
Sb02g029010	Auxin-responsive family protein	1,392	-0,777	-0,784	-2,11
Sb09g017150	60S ribosomal protein L29 (RPL29B)	1,390	-0,646	-0,566	-2,04
Sb10g024550	Subtilase family protein	1,383	-1,150		-2,53
Sb03g017630	DNA-directed RNA polymerase subunit beta	1,376			-1,53
Sb10g001800	Short-chain dehydrogenase/reductase (SDR) family protein	1,363	-1,411	-1,082	-2,74
Sb06g030490	Protease inhibitor/seed storage/lipid transfer protein (LTP) family protein	1,330			-1,93
Sb03g029370	Tat pathway signal sequence family protein	1,324	-0,868	-0,713	-2,13
Sb02g039433	Calcium ion binding	1,321	-0,724	-0,763	-2,03
Sb02g001140	Peroxidase, putative	1,217			-1,74
Sb02g030020	UGT74F2 (UDP-GLUCOSYLTRANSFERASE 74F2)	1,213	-0,884	-0,690	-2,11
Sb02g012910	UCC1 (UCLACYANIN 1); copper ion binding / electron carrier	1,208	-0,975		-2,11
Sb01g017520	Invertase/pectin methylesterase inhibitor family protein / DC 1.2 homolog (FL5-2I22)	1,187	-0,641	-0,637	-1,83
Sb05g027230	WAK4 (wall associated kinase 4); ATP binding / calcium ion binding	1,180	-0,702	-0,525	-1,83
Sb05g025125	Ribulose biphosphate carboxylase large chain	1,177			-1,42
Sb03g027040	LHCB1; chlorophyll binding	1,171		-0,548	-1,61
Sb04g027700	Glycosyl hydrolase family 3 protein	1,171	-1,152		-2,31

Sb08g019290	LAS1; lanosterol synthase	1,155			-1,31
Sb09g004610	mtLPD1 (mitochondrial lipoamide dehydrogenase 1); ATP binding	1,154	-0,947		-2,10
Sb03g043280	PROT1 (PROLINE TRANSPORTER 1)	1,153			-1,40
Sb05g020150	Naringenin-chalcone synthase	1,145	-0,805	-0,646	-1,99
Sb02g023760	Anti-muellerian hormone type-2 receptor	1,090	-0,505	-0,347	-1,60
Sb03g020182	Ribulose biphosphate carboxylase large chain	1,087			-1,41
Sb05g016800	Putative aminotransferase AF_1815	1,081			-1,44
Sb10g007590	HSP23.6-MITO (MITOCHONDRION-LOCALIZED SMALL HEAT SHOCK PROTEIN 23.6)	1,077	1,648		1,73
Sb01g002780	Putative thylakoid soluble phosphoprotein	1,049	-0,554	-0,474	-1,60
Sb10g024200	C2 domain-containing protein/Calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain)	1,047	-0,753		-1,80
Sb10g022580	CGA1 (CYTOKININ-RESPONSIVE GATA FACTOR 1); transcription factor	1,036	-1,002	-0,646	-2,00
Sb01g046960	WAT1-related protein At5g07050	1,032		-0,641	-1,51
Sb08g020580	IAA16; transcription factor	1,020	-0,660	-0,512	-1,60
Sb07g028740	OPT1 (OLIGOPEPTIDE TRANSPORTER 1); oligopeptide transporter	1,018			-1,31
Sb07g000620	FED A; 2 2Fe-2S ferredoxin-like	1,008	-0,625		-1,63
Sb01g006620	Putative plasma membrane fusion protein	1,006		-0,460	-1,50
Sb06g032460	PAO4 (POLYAMINE OXIDASE 4); amine oxidase/polyamine oxidase	1,006	-0,743	-0,551	-1,73
Sb04g021810	CWINV2 (cell wall invertase 2); hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds	1,002	-0,601	-0,503	-1,60
Sb02g003436	Putative cysteine-rich receptor-like protein kinase 10 isoform	1,001			-1,41
Sb03g005030	Protein phosphatase 2C	1,001		-0,286	-1,11
Sb01g021920	Chitinase 2 precursor	0,997	-0,995	-0,875	-1,99
Sb01g008810	Unknown protein	0,993	-0,540	-0,330	-1,51
Sb01g043280	DUF538 family protein (Protein of unknown function, DUF538)	0,985		-0,475	
Sb04g026900	SCPL34; serine-type carboxypeptidase	0,984	-0,567		-1,51

Sb03g017600	Photosystem II CP47 reaction center protein; PsbB		0,979	-0,608		-1,558
Sb02g005350	Transferring glycosyl group transferase		0,978	-0,759	-0,578	-1,775
Sb03g013850	ATP synthase subunit beta, chloroplastic/ATP synthase CF1 beta subunit		0,972	-0,692	-0,529	-1,611
Sb06g032690	LHCB6 (LIGHT HARVESTING COMPLEX PSII SUBUNIT 6); chlorophyll binding		0,971	-0,586	-0,449	-1,525
Sb06g030160	HEMA1; glutamyl-tRNA reductase		0,965	-0,643	-0,452	-1,605
Sb04g035600	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein		0,964			-1,111
Sb09g002580	Bundle-sheath defective protein 2 family / bsd2 family		0,960			-1,321
Sb05g020230	Naringenin-chalcone synthase		0,959	-0,745	-0,528	-1,772
Sb03g040690	Unknown protein		0,956			-1,341
Sb10g009480	Zinc finger (B-box type) family protein		0,956	-0,510	-0,499	-1,479
Sb06g031530	AAP7; amino acid transmembrane transporter		0,956			-1,301
Sb06g014890	Anther-specific proline-rich protein APG-like		0,955			-1,411
Sb05g022620	Subtilase family protein		0,953			-1,431
Sb01g038150	Abscisic acid receptor PYL4	-0,906	0,951	-0,802	-0,549	-1,771
Sb03g035850	Polyphenol oxidase I, chloroplastic-like		0,949	-0,708	-0,496	-1,605
Sb06g015600	ACA1 (ALPHA CARBONIC ANHYDRASE 1); carbonate dehydratase/ zinc ion binding		0,933		-0,369	-1,231
Sb03g029180	Carbonic anhydrase, putative / carbonate dehydratase, putative		0,928	-0,656	-0,428	-1,551
Sb02g032815	PSI-P (PHOTOSYSTEM I P SUBUNIT); DNA binding		0,923	-0,596	-0,396	-1,531
Sb02g006430	CSP41A (CHLOROPLAST STEM-LOOP BINDING PROTEIN OF 41 KDA); mRNA binding / poly(U) binding		0,922			-1,311
Sb07g019320	CYP38 (cyclophilin 38); peptidyl-prolyl cis-trans isomerase		0,921	-0,569		-1,431
Sb02g041670	NTRC (NADPH-DEPENDENT THIOREDOXIN REDUCTASE C); thioredoxin-disulfide reductase		0,921		-0,357	
Sb05g026090	Senescence-associated family protein		0,920	-0,920	-0,626	-1,846
Sb09g004640	RelA/SpoT domain-containing protein / calcium-binding EF-hand family protein		0,916		-0,424	-1,111
Sb05g020390	30S ribosomal protein S7		0,915	-0,756	-0,523	-1,611

Sb01g011620	Inositol hexakisphosphate and diphosphoinositol-pentakisphosphate kinase 2-like	0,911		-0,489	-1,32
Sb02g039970	Amine oxidase family protein/15-cis-phytoene desaturase, chloroplastic/chromoplastic	0,904		-0,528	-1,52
Sb09g001320	Metallothionein-like protein 2C	0,902	-0,559	-0,438	-1,42
Sb05g018990	ACP4 (acyl carrier protein 4); acyl carrier	0,901	-0,494		-1,42
Sb04g002330	17.6 kDa class I small heat shock protein (HSP17.6C-CI) (AA 1-156)	0,896		-0,413	-1,12
Sb04g032900	Aquaporin TIP2-3	0,895		-0,397	-1,42
Sb02g043980	FAD8 (FATTY ACID DESATURASE 8); omega-3 fatty acid desaturase	0,894	-0,594		-1,42
Sb10g019360	Aquaporin TIP2-1	0,894	-0,617	-0,452	-1,52
Sb09g022060	Myb family transcription factor	0,893			-1,12
Sb01g006420	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing protein	0,890			-1,32
Sb02g033120	CDSP32 (CHLOROPLASTIC DROUGHT-INDUCED STRESS PROTEIN OF 32 KD)	0,888			-1,12
Sb06g021540	Adenosylmethionine decarboxylase family protein	0,888	-0,625	-0,422	-1,52
Sb02g024470	NAD(P)H-quinone oxidoreductase subunit L, chloroplastic	0,879	-0,602	-0,476	-1,42
Sb05g027870	RCA (RUBISCO ACTIVASE); ADP binding / ATP binding	0,872		-0,467	-1,32
Sb02g030550	Rhodanese-like domain-containing protein	0,871	-0,500		-1,32
Sb01g004360	Carboxyl-terminal peptidase (DUF239)	0,870			-1,12
Sb03g041670	Nitroreductase family protein	0,866		-0,433	-1,22
Sb02g031870	Putative cytokinin riboside 5'-monophosphate phosphoribohydrolase LOGL9	0,863	-0,646	-0,452	-1,52
Sb09g001120	Heat shock protein DnaJ, cysteine-rich domain-containing protein	0,861	-0,482		-1,32
Sb02g037840	Peroxidase, putative	0,861			-1,22
Sb02g035600	BAM5 (BETA-AMYLASE 5); beta-amylase	0,856	-0,546		-1,42
Sb09g004970	GER3 (GERMIN 3); oxalate oxidase	0,855	-0,585	-0,390	-1,42
Sb0010s007570	GH3; Glycosyl hydrolase family 3 protein	0,852			-1,22
Sb08g005210	Glycine cleavage system H protein, mitochondrial/ glycine dehydrogenase	0,849	-0,494		-1,32

Sb01g039980	Fructose-1,6-bisphosphatase, putative	0,848			-1,17
Sb02g007730	ILR1 (IAA-LEUCINE RESISTANT 1); IAA-Leu conjugate hydrolase	0,848	-0,537	-0,394	-1,33
Sb03g028080	PGM (PHOSPHOGLUCOMUTASE); phosphoglucomutase	0,847			-1,33
Sb06g029740	Receptor-like serine/threonine-protein kinase SD1-8	0,844			-1,33
Sb06g027520	APX4 (ASCORBATE PEROXIDASE 4); heme binding / peroxidase	0,841	-0,555		-1,40
Sb06g021200	Glycine-rich protein	0,838			-1,11
Sb06g018930	Protease Do-like 8 chloroplastic	0,835		-0,372	-1,11
Sb01g049040	PPL1 (PsbP-like protein 1); calcium ion binding	0,830	-0,440	-0,440	-1,43
Sb03g046345	Protein RETICULATA-RELATED 4 chloroplastic	0,830			-1,21
Sb04g003110	NAMT1; S-adenosylmethionine-dependent methyltransferase	0,826			-1,21
Sb01g008400	Orotidine 5'-phosphate decarboxylase	0,825	-0,654	-0,451	-1,44
Sb08g005500	CRB (CHLOROPLAST RNA BINDING); binding / catalytic/ coenzyme binding	0,814	-0,654	-0,515	-1,47
Sb03g033810	UDP-glucuronosyl/UDP-glucosyl transferase family protein	0,813	-0,517		-1,33
Sb03g039480	TPI (TRIOSEPHOSPHATE ISOMERASE); triose-phosphate isomerase	0,812			-1,23
Sb07g028880	NAD(P)H-quinone oxidoreductase subunit S, chloroplastic	0,812			-1,23
Sb02g037310	FLA13 (FASCICLIN-LIKE ARABINOGALACTAN PROTEIN 13 PRECURSOR)	0,806		-0,308	-1,21
Sb04g023940	Oxygen evolving enhancer 3 (PsbQ) family protein	0,796			-1,21
Sb09g001450	ACT domain-containing protein	0,789			-1,08
Sb09g000560	Phosphoribulokinase/uridine kinase-related	0,780			-1,07
Sb08g014070	GRAM domain-containing protein / ABA-responsive protein-related	-0,818			1,14
Sb09g021360	Aminotransferase class I and II family protein	-0,824			1,07
Sb02g004260	Leucine-rich repeat family protein / extensin family protein	-0,832			1,14

Sb09g030590	Eukaryotic translation initiation factor 2 family protein / eIF-2 family protein	-0,848	1,08
Sb01g036680	MYR1 (MYb-related protein 1); transcription factor	-0,870	1,13
Sb10g026544	Vacuolar sorting receptor, putative	-0,873	1,08
Sb09g020080	GID1C (GA INSENSITIVE DWARF1C); hydrolase	-0,892	1,07
Sb07g024320	Monodehydroascorbate reductase, putative	-0,900	1,10
Sb02g028940	O-fucosyltransferase family protein	-0,901	1,12
Sb05g018376	ATP binding / DNA binding	-0,910	1,12
Sb01g049670	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim9	-0,911	1,10
Sb04g036350	scpl26 (serine carboxypeptidase-like 26); serine-type carboxypeptidase	-0,920	1,15
Sb02g020410	ADG1 (ADP GLUCOSE PYROPHOSPHORYLASE 1); glucose-1-phosphate adenylyltransferase	-0,923	1,10
Sb02g039520	DNA-directed RNA polymerase (RPOT2)	-0,946	1,20
Sb04g005520	WRKY60; transcription factor	-0,970	1,13
Sb07g027770	ABC transporter C family member 10-like	-0,970	1,15
Sb03g024250	Bidirectional sugar transporter SWEET2a	-0,973	1,20
Sb01g040410	Protein FANTASTIC FOUR 4-like	-0,980	1,15
Sb07g020910	JAZ12 (JASMONATE-ZIM-DOMAIN PROTEIN 12)	-0,980	1,17
Sb10g010710	Sister chromatid cohesion protein PDS5 homolog B-like	-0,984	1,15
Sb01g044090	SULTR1;2 (SULFATE TRANSPORTER 1;2); sulfate transmembrane transporter	-0,989	1,15
Sb05g008470	Aspartyl protease family protein	-0,997	1,17
Sb07g023110	Probable carboxylesterase 2	-1,001	1,18
Sb03g004190	Putative homeobox even-skipped homolog protein 2	-1,003	1,20
Sb04g036570	PPCK1 (PHOSPHOENOLPYRUVATE CARBOXYLASE KINASE); kinase/ protein serine/threonine kinase	-1,011	1,20
Sb09g001850	Calcium-transporting ATPase	-1,016	1,30
Sb04g034520	EFE (ETHYLENE-FORMING ENZYME); 1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase	-1,017	1,22

Sb05g022900	DJ-1 family protein	-1,018		1,2
Sb04g001130	CAT1 (CATALASE 1); catalase	-1,021		1,3
Sb01g033570	Serine/threonine-protein kinase SRK2E	-1,030	0,287	1,1
Sb02g034950	PDR11 (PLEIOTROPIC DRUG RESISTANCE 11); ATPase,	-1,030		1,2
Sb10g029510	Prephenate dehydrogenase family protein	-1,032		1,2
Sb06g023440	TRX-M4 (THIOREDOXIN M-TYPE 4); enzyme activator	-1,032		1,3
Sb02g034980	GPT2; antiporter/ glucose-6-phosphate transmembrane transporter	-1,041		1,2
Sb05g003750	BLH1 (BEL1-LIKE HOMEODOMAIN 1); DNA binding	-1,041		1,3
Sb01g047550	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	-1,041		1,3
Sb01g040490	Dynamamin-related protein 4C	-1,046		1,1
Sb09g023040	PEBP (phosphatidylethanolamine-binding protein) family protein	-1,046		1,4
Sb01g028230	MYC2; DNA binding / transcription activator/ transcription factor	-1,048		1,2
Sb06g025250	Serine-type endopeptidase/ serine-type peptidase	-1,049		1,3
Sb09g021810	FD3 (ferredoxin 3); 2 iron, 2 sulfur cluster binding / electron carrier/ iron-sulfur cluster binding	-1,054		1,3
Sb09g005970	VSP2 (VEGETATIVE STORAGE PROTEIN 2); acid phosphatase/Stem 28 kDa glycoprotein precursor	-1,057		1,2
Sb06g031350	LOX5; electron carrier/ iron ion binding / lipoxygenase	-1,061		1,3
Sb01g048280	CAT2 (CATALASE 2); catalase	-1,061		1,3
Sb09g026210	BTI1 (VIRB2-INTERACTING PROTEIN 1)	-1,064		1,2
Sb10g029590	Benzoyl coenzyme A: Benzyl alcohol benzoyl transferase	-1,066		1,5
Sb02g029690	DEAD/DEAH box helicase, putative (RH28)	-1,066		1,2
Sb04g005410	Uncharacterized conserved protein UCP015417, vWA	-1,080	0,647	1,3
Sb02g009410	CYP71B2 (CYTOCHROME P450 71B2); electron carrier	-1,082		1,3
Sb02g002260	SCPL27 (serine carboxypeptidase-like 27); serine-type carboxypeptidase	-1,083		1,4
Sb09g002800	In2-1 protein/Glutathione S-transferase L3;	-1,085		1,4
Sb01g038900	Glutathione S-transferase L2	-1,095		1,3

Sb06g015290	Unknown protein	-1,097		1,43
Sb01g036270	Ribosome biogenesis protein BMS1 homolog /P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolases	-1,099		1,24
Sb01g004130	SIP2 (seed imbibition 2)/probable galactinol--sucrose galactosyltransferase 2	-1,101		1,33
Sb07g027480	HMG1 (HYDROXY METHYLGLUTARYL COA REDUCTASE 1); hydroxymethylglutaryl-CoA reductase	-1,106		1,30
Sb06g012520	SSI2; acyl-[acyl-carrier-protein] desaturase/ stearoyl-CoA 9-desaturase	-1,110		1,29
Sb01g048200	OPCL1 (OPC-8:0 COA LIGASE1); 4-coumarate-CoA ligase	-1,110		1,20
Sb05g020850	HIRA-interacting protein 3	-1,111	0,380	1,20
Sb02g025680	Choline/ethanolamine kinase	-1,112		1,31
Sb03g006420	PTR1 (PEPTIDE TRANSPORTER 1); dipeptide transporter/ transporter/ tripeptide transporter	-1,112		1,29
Sb02g034060	Protein C2-DOMAIN ABA-RELATED 5/Calcium-dependent lipid-binding (CaLB domain) family protein	-1,126		1,33
Sb09g023310	Alanine--glyoxylate aminotransferase, putative	-1,127		1,51
Sb10g007780	Ethylene-responsive transcription factor RAP2-4; DNA binding / transcription factor	-1,130		1,17
Sb02g009870	Starch synthase, putative	-1,131		1,43
Sb10g028140	ILL6; IAA-amino acid conjugate hydrolase/ metallopeptidase	-1,133		1,43
Sb06g013900	Nodulin family protein/protein NUCLEAR FUSION DEFECTIVE 4	-1,136		1,21
Sb01g008700	TOR (TARGET OF RAPAMYCIN); 1-phosphatidylinositol-3-kinase/ protein binding	-1,137		1,20
Sb09g006550	GDSL-motif lipase/hydrolase family protein	-1,140		1,41
Sb06g022450	BGLU46 (BETA GLUCOSIDASE 46)	-1,148		1,51
Sb03g026010	Protein CHUP1, chloroplastic ; actin binding	-1,151		1,41
Sb08g000550	FER4 (ferritin 4); binding / ferric iron binding / oxidoreductase/ transition metal ion binding	-1,155		1,47
Sb02g041980	ERD15 (EARLY RESPONSIVE TO DEHYDRATION 15); protein binding	-1,155		1,41

Sb03g037080	ERF9 (ERF DOMAIN PROTEIN 9); DNA binding / transcription factor/ transcription repressor	-1,162		1,376
Sb03g041770	F-box protein SKP2A	-1,163		1,376
Sb03g034150	Peptidase M28 family protein	-1,164		1,376
Sb03g034150.1	Peptidase M28 family protein	1,376		
Sb09g004650	RCI3 (RARE COLD INDUCIBLE GENE 3); peroxidase	-1,174		1,479
Sb01g014550	Oxidoreductase, 2OG-Fe(II) oxygenase family protein	-1,174		
Sb09g004650.1	Peroxidase superfamily protein			1,479
Sb10g023690	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	-1,177		1,479
Sb03g040350	Glycoside hydrolase starch-binding domain-containing protein	-1,179		1,524
Sb01g044580	Alcohol dehydrogenase, putative	-1,181	0,479	
Sb02g026170	KUP3 (K+ UPTAKE TRANSPORTER 3); potassium ion transmembrane transporter	-1,181		1,376
Sb06g020020	Copper amine oxidase, putative	-1,182		1,376
Sb08g022210	MS1; 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine S-methyltransferase	-1,185		1,479
Sb01g013700	U3 snoRNP-associated protein-like YAOH/WD-40 repeat family protein	-1,188		0,524
Sb03g037170	Polyadenylate-binding protein 1-B-binding protein	-1,189		1,229
Sb02g031090	1-phosphatidylinositol phosphodiesterase-related	-1,200		1,524
Sb02g040540	H/ACA ribonucleoprotein complex subunit 4-like	-1,209		1,376
Sb05g025240	Adenylylsulfate kinase, putative	-1,218		1,524
Sb01g039940	DAR2 (DA1-RELATED PROTEIN 2); zinc ion binding	-1,220		1,479
Sb04g021500	CTR1 (CONSTITUTIVE TRIPLE RESPONSE 1); kinase/ protein binding	-1,229		1,376
Sb07g020070	Senescence-associated protein-related	-1,237		1,479
Sb10g025730	J8; heat shock protein binding / unfolded protein binding	-1,249		1,724
Sb06g001350	CBS domain-containing protein CBSX1, chloroplastic-like	-1,249		1,376
Sb04g022350	Beta-fructofuranosidase, putative / invertase, putative	-1,250		1,524

Sb02g027330	Peroxidase 17 (PER17) (P17)	-1,252		1,571
Sb09g026860	Putative protein phosphatase 2C 50/HYPERSENSITIVE TO ABA1	-1,259	0,383	1,701
Sb01g017460	F-box protein SKIP31/cyclic AMP-responsive element-binding protein	-1,263		1,431
Sb04g009900	Protein cfxQ-like protein	-1,265		1,621
Sb02g034370	APR3 (APS REDUCTASE 3); adenylyl-sulfate reductase	-1,268		1,561
Sb06g024860	WD-40 repeat family protein / beige-related	-1,270		1,581
Sb10g004682	Pre-mRNA-processing-splicing factor 8A	-1,273		
Sb01g002990	Proton-dependent oligopeptide transport (POT) family protein	-1,281		1,481
Sb05g010360	CYP94B3; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding	-1,283		1,471
Sb08g005415	GDP-L-galactose phosphorylase 2-like	-1,283		1,551
Sb06g026686	Senescence-associated protein-related	-1,284		1,561
Sb09g022110	Putative MEE59 (maternal effect embryo arrest 59)	-1,299		1,521
Sb08g002680	Non-specific lipid-transfer protein 1	-1,304		1,531
Sb03g010510	Phenazine biosynthesis PhzC/PhzF family protein/putative isomerase BH0283	-1,316		1,491
Sb03g028290	Putative WRKY transcription factor 19	-1,321		1,531
Sb02g038890	Putative protein PYRICULARIA ORYZAE RESISTANCE 21-like	-1,324		1,431
Sb08g002290	Disease resistance protein (NBS-LRR class), putative	-1,330		1,331
Sb03g008560	Basic helix-loop-helix (bHLH) DNA-binding superfamily protein	-1,342		1,431
Sb01g033590	2-dehydro-3-deoxyphosphoheptonate aldolase, putative	-1,352		1,661
Sb02g009120	AAO3 (Abscisic ALDEHYDE OXIDASE 3)	-1,354		1,671
Sb09g005810	NADP-ME3 (NADP-malic enzyme 3)	-1,360		1,491
Sb02g031160	Ribonuclease T2 family protein	-1,363		1,731
Sb02g009420	CYP71B35; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding	-1,364	0,532	1,891
Sb09g030330	BCS1 (CYTOCHROME BC1 SYNTHESIS); ATP binding / ATPase	-1,364		1,671

Sb03g007380	Mannose-6-phosphate isomerase	-1,366		1,660
Sb01g049030	DMR6 (DOWNY MILDEW RESISTANT 6); oxidoreductase/ oxidoreductase	-1,367	0,414	1,770
Sb08g005000	AAP3; amino acid transmembrane transporter	-1,375		1,660
Sb03g032500	IAR3 (IAA-ALANINE RESISTANT 3); IAA-Ala conjugate hydrolase/ metallopeptidase	-1,377		1,810
Sb03g009270	NADP-dependent oxidoreductase, putative	-1,383		1,660
Sb06g026670	Senescence-associated protein-related	-1,393		1,570
Sb09g028890	Iron-sulfur cluster assembly protein 1-like	-1,394		1,690
Sb06g020970	Ribosome recycling factor family protein / ribosome releasing factor family protein	-1,399		1,790
Sb09g029580	Auxilin-like protein 1/ Heat shock protein	-1,405		1,770
Sb04g034190	ABF2 (ABSCISIC ACID RESPONSIVE ELEMENTS- BINDING FACTOR 2); DNA binding	-1,406		1,590
Sb10g005340	Protein NUCLEAR FUSION DEFECTIVE 4-liknodulin family protein	-1,411		1,590
Sb08g009120	Putative atherin-like	-1,412		1,770
Sb09g020280	Protein NRT1/ PTR FAMILY 3.1	-1,419		1,490
Sb09g003800	1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase, putative / ACC oxidase, putative	-1,430		1,660
Sb04g018290	Indole-3-glycerol phosphate synthase (IGPS)	-1,433		1,590
Sb01g045660	Unknown protein	-1,436		1,770
Sb01g027540	scpl6 (serine carboxypeptidase-like 6); serine-type carboxypeptidase	-1,436		1,690
Sb10g009140	Caleosin-related family protein	-1,437		1,660
Sb04g018431	Fatty acyl-CoA reductase 2-like isoform X1	-1,450		1,770
Sb09g018590	Vesicle-associated membrane family protein / VAMP family protein	-1,456		1,660
Sb03g032280	FPS1 (FARNESYL DIPHOSPHATE SYNTHASE 1); dimethylallyltranstransferase/ geranyltranstransferase	-1,462		1,770
Sb01g007000	AOS (ALLENE OXIDE SYNTHASE); allene oxide synthase/ hydro-lyase/ oxygen binding	-1,468		1,660

Sb03g039880	Bifunctional inhibitor/lipid-transfer protein/seed storage 2S albumin superfamily protein isoform 1	-1,470		1,6
Sb03g009860	Late embryogenesis abundant protein Lea5	-1,475		1,8
Sb09g029900	AAA-type ATPase family protein/putative cell division cycle ATPase	-1,477		1,6
Sb01g013910	Organic cation/carnitine transporter 7	-1,478		1,8
Sb02g035500	CRK10 (CYSTEINE-RICH RLK10); ATP binding / kinase	-1,480		1,8
Sb03g003200	PAP1 (PHYTOCHROME-ASSOCIATED PROTEIN 1); transcription factor	-1,484	0,323	1,8
Sb04g003040	HCF173 (high chlorophyll fluorescence phenotype 173); binding / catalytic/ transcription repressor	-1,490		1,8
Sb09g028300	Probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase MRH1	-1,494		-14,1
Sb02g025910	Serine/threonine-protein kinase	-1,495		1,8
Sb03g043090	EXO70F1 (exocyst subunit EXO70 family protein F1); protein binding	-1,496	0,565	1,7
Sb02g010510	SCPL19; serine-type carboxypeptidase/ sinapoyltransferase	-1,496		1,7
Sb02g028210	TDT (TONOPLAST DICARBOXYLATE TRANSPORTER);sodium:dicarboxylate symporter	-1,509		1,7
Sb03g003550	2-oxoglutarate-dependent dioxygenase, putative	-1,518	0,488	2,0
Sb03g032950	Choline kinase, putative	-1,539		1,8
Sb06g014550	SRG1 (SENESCENCE-RELATED GENE 1); oxidoreductase	-1,558		1,7
Sb01g039850	Beta-1,3-glucosyltransferase	-1,559	0,686	2,2
Sb07g028020	XYLT (BETA-1,2-XYLOSYLTRANSFERASE); xylosyltransferase	-1,559		1,7
Sb06g024400	nudt8 (Nudix hydrolase homolog 8); hydrolase	-1,564		1,8
Sb09g029610	Glucose-1-phosphate adenyltransferase large subunit, chloroplastic/amyloplastic	-1,571		1,8
Sb09g005520	Leucine-rich repeat family protein / extensin family protein	-1,572		1,6
Sb10g027660	Wound-responsive family protein	-1,579		2,0
Sb03g031950	Phosphoethanolamine N-methyltransferase 3	-1,579		1,7

Sb08g001710	MATE efflux family protein/Protein DETOXIFICATION 21	-1,585	0,557	0,342	2,1
Sb01g044630	Classical arabinogalactan protein 9-like	-1,587			1,9
Sb02g036030	CSLD2 (CELLULOSE-SYNTHASE LIKE D2); cellulose synthase/ transferase, transferring glycosyl groups	-1,596			1,8
Sb03g001430	Putative cytoplasmic tRNA 2-thiolation protein 1	-1,599			2,0
Sb04g028755	Unknown protein	-1,622			1,8
Sb04g001680	Ubiquitin-conjugating enzyme, putative	-1,630			2,0
Sb06g028970	PAO2 (Polyamine oxidase 2); amine oxidase/ electron carrier/ oxidoreductase	-1,633			1,9
Sb01g034730	Cytochrome P450 71A1-like/Flavonoid 3'-monooxygenase	-1,639			2,1
Sb06g030880	UGT89B1 (UDP-GLUCOSYL TRANSFERASE 89B1)	-1,644			1,8
Sb04g009350	Unknown protein	-1,655			1,9
Sb07g001140	Non-lysosomal glucosylceramidase	-1,659			1,6
Sb02g038030	LBD37 (LOB DOMAIN-CONTAINING PROTEIN 37)	-1,660			1,6
Sb03g008760	Isoflavone reductase, putative	-1,696			1,9
Sb09g002350	Oxidoreductase, 2OG-Fe(II) oxygenase family protein	-1,700			1,9
Sb03g030350	Aspartyl protease family protein	-1,704			1,7
Sb03g039630	Protein phosphatase 2C, putative / PP2C, putative	-1,714			1,9
Sb02g023650	HB-1 (HOMEBOX 1); DNA binding	-1,716			2,1
Sb03g012550	MYB12 (MYB DOMAIN PROTEIN 12); DNA binding / transcription activator/ transcription factor	-1,716			2,1
Sb09g025710	LBD41 (LOB DOMAIN-CONTAINING PROTEIN 41)	-1,722			2,0
Sb07g020100	Trehalose-6-phosphate phosphatase, putative	-1,723			2,0
Sb06g026580	RING-H2 finger protein ATL74-like	-1,725			1,8
Sb09g005430	AXR3 (AUXIN RESISTANT 3); transcription factor	-1,735			2,1
Sb07g003070	NDB2 (NAD(P)H dehydrogenase B2); FAD binding / disulfide oxidoreductase/ oxidoreductase	-1,764			2,0
Sb02g031490	DUF630 family protein, putative (DUF630 and DUF632)	-1,765			1,8
Sb02g025810	Subtilisin-like protease SBT1.8	-1,766			2,2

Sb01g037970	Pathogenesis-related protein 10c/Bet v I allergen family protein	-1,775		1,775
Sb06g018800	Aldose 1-epimerase family protein	-1,788		1,988
Sb01g045030	Senescence-associated protein-related	-1,794		2,494
Sb06g020640	G6PD6 (GLUCOSE-6-PHOSPHATE DEHYDROGENASE 6); glucose-6-phosphate dehydrogenase	-1,815		2,115
Sb05g020760	BOI-related E3 ubiquitin-protein ligase 1-like	-1,817		2,217
Sb05g003070	Calmodulin-binding family protein	-1,824		1,924
Sb03g044960	FLP1 (FPF1-LIKE PROTEIN 1)/Flowering-promoting factor 1-like protein 1	-1,826		2,226
Sb03g004490	Universal stress protein (USP) family protein	-1,836	0,266	2,236
Sb06g021980	Aldo/keto reductase family protein/oxidoreductase	-1,836		2,136
Sb09g021265	Putative homeodomain-like transcription factor superfamily protein/ putative MYB DNA-binding	-1,844		2,244
Sb07g001250	Agamous-like MADS-box protein AGL12; transcription factor	-1,846		2,246
Sb09g030320	BCS1 (CYTOCHROME BC1 SYNTHESIS); ATP binding / ATPase	-1,855		2,255
Sb04g006480	LOX2 (LIPOXYGENASE 2); lipoxygenase	-1,888		2,288
Sb02g043220	Hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	-1,902		2,292
Sb02g003810	NAMT1; S-adenosylmethionine-dependent methyltransferase	-1,918		2,118
Sb01g030560	DMR6 (DOWNY MILDEW RESISTANT 6); oxidoreductase/ oxidoreductase	-1,926		2,326
Sb03g043420	Putative glycine-rich protein	-1,932		2,332
Sb02g025320	Glutamate receptor 2.9-like; intracellular ligand-gated ion channel	-1,936		2,136
Sb02g024840	PDR12 (PLEIOTROPIC DRUG RESISTANCE 12); ATPase, coupled to transmembrane movement	-1,939		2,139
Sb05g003930	RPM1 (RESISTANCE TO P. SYRINGAE PV MACULICOLA 1); nucleotide binding / protein binding	-1,968		2,168
Sb09g025540	O-methyltransferase family 2 protein	-1,974		2,274
Sb03g036170	Jacalin lectin family protein 3	-1,975	0,270	2,445

Sb09g024950	Jacalin lectin family protein	-1,977		2,3
Sb04g004370	Putative galactosyltransferase family protein	-1,979		2,3
Sb08g022450	OSM34 (osmotin 34)	-1,987		2,3
Sb07g024090	CLH (CORONATINE-INDUCED PROTEIN 1); chlorophyllase	-2,020		2,3
Sb02g003520	Aminotransferase-related	-2,032		2,2
Sb02g006230	Leucine-rich repeat transmembrane protein kinase, putative	-2,040		2,0
Sb08g002230	Protein LURP-one-related 8-like	-2,051		2,3
Sb02g001940	Glycine-rich protein	-2,056	0,324	2,5
Sb06g025870	MATE efflux protein-related	-2,058		2,1
Sb02g011210	Dehydrodolichyl diphosphate synthase, putative / DEDOL-PP synthase, putative	-2,094		2,5
Sb03g039820	P5CS2 (DELTA 1-PYRROLINE-5-CARBOXYLATE SYNTHASE 2); oxidoreductase	-2,115		2,4
Sb01g017910	Calcium uniporter protein 2, mitochondrial	-2,116		2,4
Sb09g003060	RCI2A (RARE-COLD-INDUCIBLE 2A)	-2,122	0,404	2,6
Sb08g022140	Plant cysteine oxidase 1; Hypoxia-responsive unknown protein 29	-2,136		2,4
Sb03g030100	Acidic endochitinase (CHIB1)	-2,141		2,3
Sb09g000290	JMT (JASMONIC ACID CARBOXYL METHYLTRANSFERASE); jasmonate O- methyltransferase	-2,205		2,3
Sb10g022190	ATMRP6; ATPase, coupled to transmembrane movement of substances	-2,205		2,6
Sb03g038470	Amino acid transporter family protein	-2,208		2,4
Sb01g042740	FRD3 (FERRIC REDUCTASE DEFECTIVE 3); antiporter/ transporter	-2,235		2,2
Sb08g023000	PAP12 (PURPLE ACID PHOSPHATASE 12); acid phosphatase/ protein serine/threonine phosphatase	-2,248		2,6
Sb09g021770	Myb family transcription factor	-2,301		2,7
Sb08g018780	Flavonoid 3'-monooxygenase/ oxygen binding	-2,338		2,7
Sb02g038810	EGG APPARATUS-1 protein	-2,397		2,8

Sb07g004480	Terpene synthase/cyclase family protein	-2,423			2,871
Sb09g018630	ERF1-2 (EUKARYOTIC RELEASE FACTOR 1-2); translation release factor	-2,451			2,700
Sb10g025880	Putative GDP-L-fucose synthase 2	-2,479			2,890
Sb09g030780	LBD40 (LOB DOMAIN-CONTAINING PROTEIN 40)	-2,507			2,900
Sb06g029900	Wound-responsive protein, putative	-2,511			2,730
Sb07g006090	ELI3-2 (ELICITOR-ACTIVATED GENE 3-2); aryl-alcohol dehydrogenase/ mannitol dehydrogenase	-2,512			2,920
Sb07g004190	Basic helix-loop-helix (bHLH) family protein	-2,513			2,950
Sb01g038520	Oxidoreductase, 2OG-Fe(II) oxygenase family protein	-2,543	0,800		3,340
Sb02g028200	TDT (TONOPLAST DICARBOXYLATE TRANSPORTER); sodium:dicarboxylate symporter	-2,611			2,650
Sb08g007610	BGLU16 (BETA GLUCOSIDASE 16); catalytic/ cation binding	-2,650			2,850
Sb04g005510	CCR1 (CINNAMOYL COA REDUCTASE 1); cinnamoyl-CoA reductase	-2,665		0,590	3,050
Sb03g036980	DC1 domain-containing protein	-2,668			3,000
Sb02g032370	Phytoene synthase (PSY) / geranylgeranyl-diphosphate geranylgeranyl transferase	-2,669			2,920
Sb09g025570	O-methyltransferase family 2 protein	-2,694			3,000
Sb09g024255	EDL3 (EID1-like 3)	-2,695			3,040
Sb02g002150	CAP (Cysteine-rich secretory proteins, Antigen 5, and Pathogenesis-related 1 protein)	-2,736			3,050
Sb01g010500	ARPN (PLANTACYANIN); copper ion binding / electron carrier	-2,742	0,553	0,287	3,220
Sb09g025470	GA2OX2 (GIBBERELLIN 2-OXIDASE); gibberellin 2-beta-dioxygenase	-2,749			3,220
Sb02g004650	Acidic endochitinase (CHIB1)	-2,758			3,340
Sb01g018480	Plant basic secretory family protein	-2,814			3,220
Sb03g031790	GSTU18 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 18); glutathione transferase	-2,814			3,120
Sb02g003530	Aminotransferase-related	-2,822			3,120

Sb05g008570	ATAPY1 (APYRASE 1); ATPase/ calmodulin binding / nucleotide diphosphatase	-2,826		3,1
Sb09g022700	Putative eukaryotic translation initiation factor 3 subunit G-like	-2,831		3,2
Sb09g023420	ATP binding / ATPase/ nucleoside-triphosphatase/ nucleotide binding / transcription factor binding	-2,835		3,2
Sb10g027460	Plastocyanin-like domain-containing protein	-2,851		2,8
Sb05g003200	ATC (CENTRORADIALIS); phosphatidylethanolamine binding	-2,862		3,3
Sb03g021040	SMO1-1 (STEROL-4ALPHA-METHYL OXIDASE 1-1);	-2,872		3,2
Sb03g028690	CYP72A14; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding	-2,879		3,2
Sb01g008570	Basic helix-loop-helix (bHLH) family protein	-2,910		3,3
Sb01g010270	GSR2; copper ion binding / glutamate-ammonia ligase/glutamine synthetase	-2,932		3,2
Sb3219s002010	HCHIB (BASIC CHITINASE); chitinase	-3,004	0,515	3,5
Sb03g028700	CYP72A14; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding	-3,034		3,5
Sb04g005350	Glutamine amidotransferase class-I domain-containing protein	-3,135		3,4
Sb03g038160	C4H (CINNAMATE-4-HYDROXYLASE); trans-cinnamate 4-monooxygenase	-3,140		3,5
Sb03g005490	Holotricin-3-like	-3,204		3,6
Sb10g022440	L-ascorbate oxidase, putative	-3,286		3,7
Sb03g041900	GA20OX1; gibberellin 20-oxidase	-3,291		3,8
Sb06g000920	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein	-3,298		3,3
Sb03g045460	BG3 (BETA-1,3-GLUCANASE 3); cellulase/ hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds	-3,345		3,4
Sb01g036330	SAC52 (SUPPRESSOR OF ACAULIS 52); structural constituent of ribosome	-3,364	0,405	3,7
Sb07g021840	Hyphally-regulated protein-like	-3,409		3,7
Sb06g000780	Cysteine proteinase, putative	-3,556	0,507	4,0
Sb09g021850	Zinc finger (C2H2 type) protein (WIP4)	-3,598		3,7

Sb02g024130	VIT1 (vacuolar iron transporter 1); iron ion transmembrane transporter	-3,658		0,397	3,95
Sb01g042270	AOS (ALLENE OXIDE SYNTHASE); allene oxide synthase/ hydro-lyase/ oxygen binding	-3,662			4,05
Sb08g007650	BGLU13 (BETA GLUCOSIDASE 13); catalytic/ cation binding	-3,724			4,15
Sb01g011050	LOX5; electron carrier/ iron ion binding / lipoxygenase/ metal ion binding / oxidoreductase	-3,743			4,25
Sb01g039890	Protein phosphatase 2C, putative / PP2C, putative	-3,785			4,15
Sb08g018720	Osmotin-like protein, putative	-3,793	0,603	0,306	4,35
Sb07g015410	Late embryogenesis abundant protein, putative / LEA protein, putative	-3,804			4,35
Sb06g020380	PMSR2 (PEPTIDEMETHIONINE SULFOXIDE REDUCTASE 2); oxidoreductase	-3,831			4,25
Sb02g036650	CYP51G1 (CYTOCHROME P450 51G1); oxygen binding / sterol 14-demethylase	-3,831			4,35
Sb10g022470	CYP79B2; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding	-4,010			4,35
Sb04g001810	TPS14 (TERPENE SYNTHASE 14); S-linalool synthase	-4,069	0,891		4,15
Sb04g001810.1	TPS14 (TERPENE SYNTHASE 14); S-linalool synthase				4,95
Sb07g000500	CYP71A21; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding	-4,085			4,45
Sb05g024380	PLA2A (PHOSPHOLIPASE A 2A); lipase/ nutrient reservoir	-4,243			4,75
Sb06g000653	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein	-4,333			4,75
Sb09g001010	Protease inhibitor, putative	-4,803			5,25
Sb01g011030	LOX1; lipoxygenase	-5,024			5,45
Sb05g026990	PLP4 (PATATIN-LIKE PROTEIN 4); nutrient reservoir	-5,034			5,35
Sb06g028210	GA2 (GA REQUIRING 2); ent-kaurene synthase	-5,038		0,293	5,45
Sb0012s004890	Unknown protein	Reprimido			Induzido
Sb01g007020	Putative transcription factor KAN4	Reprimido			Induzido
Sb01g019450	Long-chain-alcohol oxidase FAO2-like	Reprimido			Induzido
Sb01g023150	Myosin-like protein XIF	Reprimido			Induzido

Sb02g007750	Jacalin lectin family protein	Reprimido		Induzido
Sb02g011932	HIRA (Arabidopsis homolog of histone chaperone HIRA); nucleotide binding / protein binding	Reprimido		Induzido
Sb02g013190	Transmembrane protein	Reprimido	Induzido	Induzido
Sb02g030530	RNA recognition motif (RRM)-containing protein	Reprimido		Induzido
Sb03g028810	Unknown protein	Reprimido		Induzido
Sb03g036950	DUF4228 domain-containing protein	Reprimido		Induzido
Sb04g026280	RmlC-like cupins superfamily protein	Reprimido		Induzido
Sb04g029870	rho GTPase-activating gacO-like protein	Reprimido		Induzido
Sb04g033380	HB-7 (HOMEBOX 7); transcription activator/ transcription factor	Reprimido		Induzido
Sb06g022850	Unknown protein	Reprimido		Induzido
Sb06g026330	DMR6 (DOWNY MILDEW RESISTANT 6); oxidoreductase/ oxidoreductase	Reprimido		Induzido
Sb07g005130	TPS21 (TERPENE SYNTHASE 21); (-)-E-beta- caryophyllene synthase/ alpha-humulene synthase	Reprimido		Induzido
Sb07g005410	Polyphenol oxidase	Reprimido	0,690	0,642 Induzido
Sb07g020230	Transcription factor IBH1-like	Reprimido		Induzido
Sb07g021850	Glycine-rich cell wall structural protein-like	Reprimido		Induzido
Sb07g021860	HMGA (HIGH MOBILITY GROUP A); DNA binding	Reprimido		Induzido
Sb07g029200	Classical arabinogalactan protein 5-like	Reprimido		Induzido
Sb08g018710	Putative osmotin-like protein	Reprimido		Induzido
Sb09g024900	GDSL esterase/lipase	Reprimido		Induzido
Sb09g026540	6.7 kDa chloroplast outer envelope membrane protein-like	Reprimido		Induzido
Sb10g001940	PR1 (PATHOGENESIS-RELATED GENE 1)	Reprimido	0,836	Induzido
Sb10g013030	Unknown protein	Reprimido		Induzido
Sb10g026550	Myb family transcription factor	Reprimido		Induzido
Sb09g029140	NF-YB8 (NUCLEAR FACTOR Y, SUBUNIT B8); transcription factor		Induzido	Induzido
Sb10g031210	FG-GAP repeat-containing protein		2,050	1,239

Sb01g028400	DNA-binding family protein / AT-hook protein 1 (AHP1)	1,049	0,873	
Sb02g024780	SIP3 (SOS3-INTERACTING PROTEIN 3)	0,865		-1,6
Sb10g012080	AAE1 (ACYL ACTIVATING ENZYME 1); AMP binding	1,013		Induzido
Sb06g023060	UDP-glucuronosyl/UDP-glucosyl transferase family protein	1,013		2,6
Sb07g006900	Cysteine-type endopeptidase/ ubiquitin thiolesterase	0,989	1,375	
Sb09g019990	Inosine-uridine preferring nucleoside hydrolase family protein	0,806		2,4
Sb04g027180	AP2 domain-containing transcription factor, putative	0,773		2,0
Sb01g029210	Transcription factor UNE10	0,741		2,0
Sb02g007740	Jacalin lectin family protein	0,694	0,716	
Sb02g010930	Tetratricopeptide repeat (TPR)-containing protein	0,657		1,7
Sb03g005090	RLP7 (Receptor Like Protein 7); kinase/ protein binding	0,648		1,8
Sb05g003670	Proline-rich receptor-like protein kinase PERK2	0,641		2,1
Sb03g004430	CUE1 (CAB UNDEREXPRESSED 1); antiporter/ triose-phosphate transmembrane transporter	0,622	0,375	1,1
Sb09g001420	Lipase class 3 family protein	0,530	0,316	
Sb06g000790	Putative sulfur-rich/thionin-like protein	0,513	0,351	
Sb04g020680	Acetolactate synthase 1, chloroplastic; Acetohydroxy-acid synthase 1	-0,486		-1,1
Sb07g023470	PGR5 (proton gradient regulation 5); electron carrier	-0,492		-1,2
Sb01g038810	Ribosomal protein L10 family protein	-0,497		-1,1
Sb05g004590	Fructose-bisphosphate aldolase, putative	-0,501		-1,1
Sb05g025170	SPIRAL1-like1, putative	-0,502		-1,2
Sb01g027850	Plastidal glycolate/glycerate translocator 1, chloroplastic	-0,503		-1,1
Sb01g007630	UDP-glucuronosyl/UDP-glucosyl transferase family protein	-0,508	-0,321	-1,2
Sb04g030950	PRK (PHOSPHORIBULOKINASE); ATP binding / phosphoribulokinase/ protein binding	-0,509		-1,2
Sb04g022010	Harpin-induced family protein / HIN1 family protein / harpin-responsive family protein	-0,517	-0,420	-1,2

Sb10g003930	GDSL-motif lipase/hydrolase family protein	-0,519	-0,375	-1,2
Sb01g049050	PRPL11 (PLASTID RIBOSOMAL PROTEIN L11); structural constituent of ribosome	-0,528		-1,0
Sb04g036380	RPL9 (RIBOSOMAL PROTEIN L9); structural constituent of ribosome	-0,553		-1,1
Sb03g039970	LAC7 (laccase 7); laccase	-0,557	-0,423	-1,3
Sb08g005300	PSAN; calmodulin binding	-0,566		-1,4
Sb03g004730	PSBX (photosystem II subunit X)	-0,571		-1,4
Sb03g038530	Protein RETICULATA-RELATED 6, chloroplastic	-0,578		-1,1
Sb09g028950	Probable sodium/metabolite cotransporter BASS4, chloroplastic	-0,588		-1,1
Sb03g043850	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein	-0,593		-1,3
Sb02g032820	Tetratricopeptide repeat (TPR)-containing protein	-0,593	-0,333	-1,0
Sb07g021260	LHCA4 (LIGHT-HARVESTING CHLOROPHYLL-PROTEIN COMPLEX I SUBUNIT A4); chlorophyll binding	-0,597		Reprimido
Sb01g031790	LBD37 (LOB DOMAIN-CONTAINING PROTEIN 37)	-0,608	-0,465	-1,4
Sb06g030980	AST91 (SULFATE TRANSPORTER 91); sulfate transmembrane transporter	-0,610	-0,522	-1,2
Sb10g023720	Phosphatidic acid phosphatase-related / PAP2-related	-0,614		-1,2
Sb05g008630	ATP-dependent protease La (LON) domain-containing protein	-0,624	-0,473	-1,3
Sb06g023960	Zinc finger (B-box type) family protein	-0,635		-1,4
Sb02g035610	Oxygen-evolving enhancer protein 3, chloroplast, putative (PSBQ)	-0,643		-1,5
Sb09g018750	Lichenase-2-like /Probable glucan endo-1,3-beta-glucosidase	-0,648		-1,5
Sb03g033830	UDP-glucuronosyl/UDP-glucosyl transferase family protein	-0,659		-1,4
Sb04g024630	PHT2;1 (PHOSPHATE TRANSPORTER 2;1); low affinity phosphate transmembrane transporter	-0,676		-1,4
Sb01g014130	IAA16; transcription factor	-0,681		-1,6
Sb03g030470	PfkB-type carbohydrate kinase family protein	-0,681	-0,454	-1,2

Sb04g005810	PTI1-like tyrosine-protein kinase At3g15890	-0,688		-1,5
Sb06g016090	PSAO (photosystem I subunit O)	-0,727	-0,457	-1,7
Sb02g002960	PSAK (photosystem I subunit K)	-0,729	-0,533	-1,7
Sb06g016860	Subtilase family protein	-0,731		-1,3
Sb04g006200	GDU5 (GLUTAMINE DUMPER 5)	-0,738		-1,3
Sb01g040430	PLA2-ALPHA; phospholipase A2	-0,744	-0,437	-1,5
Sb02g019530	ycf20-like protein	-0,745	-0,439	-1,2
Sb10g007530	F-box/RNI-like superfamily protein	-0,766		-1,3
Sb01g046630	MCA1 (mid1-complementing activity 1)	-0,774		-1,3
Sb05g007070	LHCB5 (LIGHT HARVESTING COMPLEX OF PHOTOSYSTEM II 5); chlorophyll binding	-0,775	-0,528	-1,7
Sb03g013070	Pectinacetylerase, putative	-0,784	-0,441	-1,2
Sb07g021390	CAAX amino terminal protease family protein	-0,801	-0,711	-1,5
Sb10g022730	S-locus lectin protein kinase family protein	-0,812		-1,7
Sb07g005350	Germin-like protein, putative	-0,814		-1,6
Sb03g011590	GLP5 (GERMIN-LIKE PROTEIN 5); manganese ion binding / nutrient reservoir	-0,816		-1,5
Sb04g001880	Calcium-binding protein, putative	-0,823	-0,810	-1,4
Sb03g034970	Probable aldo-keto reductase 1	-0,824		-1,3
Sb02g039250	(S)-2-hydroxy-acid oxidase, peroxisomal, putative / glycolate oxidase, putative	-0,831		-1,4
Sb02g029860	TRIGGER FACTOR CHAPERONE AND PEPTIDYL-PROLYL CIS/TRANS ISOMERASE	-0,869		-1,7
Sb02g039360	RING-H2 finger protein ATL3; RING-type E3 ubiquitin transferase ATL3	-0,915		-1,9
Sb01g029270	EXPB2 (EXPANSIN B2)	-0,951	-0,781	-1,8
Sb07g002870	UCC1 (UCLACYANIN 1); copper ion binding / electron carrier	-0,977		-1,8
Sb03g033440	Subtilase family protein	-0,978	-0,765	-1,8
Sb03g017620	30S ribosomal protein S2	-1,017		-2,0
Sb01g007420	CYP81D5; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding	-1,018	-0,535	-1,6

Sb04g029100	CaS (Calcium sensing receptor)	-1,021	-0,659	-1,871
Sb09g000600	Protein EMBRYO SAC DEVELOPMENT ARREST 3, chloroplastic	-1,087		-1,871
Sb03g031150	Transmembrane protein	-1,105	-0,710	-2,000
Sb08g016770	Myosin-7B-like/Flagellar attachment zone protein 1	-1,151		-1,500
Sb04g022780	ARR3 (RESPONSE REGULATOR 3); transcription regulator/ two-component response regulator	-1,209		-2,100
Sb01g048565	Unknown protein	-1,262	-1,171	-2,100
Sb05g022280	Putative transmembrane protein, putative (DUF594)	-1,342	-0,920	-2,000
Sb06g017550	ARR3 (RESPONSE REGULATOR 3); transcription regulator/ two-component response regulator	-1,953	-1,125	-3,000
Sb03g045090	MES1 (METHYL ESTERASE 1); methyl indole-3-acetate esterase/ methyl jasmonate esterase/ methyl salicylate esterase	-2,013		-2,600
Sb04g021630	NAD+ ADP-ribosyltransferase	-2,232	-0,920	
Sb03g014790	Glutaredoxin-C1-like		Induzido	Induzido
Sb04g025710	S-adenosylmethionine decarboxylase uORF		Induzido	Induzido
Sb07g005500	GTE7 (Global transcription factor group E 7); DNA binding		0,933	
Sb07g005500.1	GTE7 (Global transcription factor group E 7); DNA binding		-2,453	
Sb03g031550	IST1-like protein		0,659	
Sb03g031550.1	IST1-like protein		-0,881	
Sb03g038460	Succinate dehydrogenase subunit 5, mitochondrial		0,390	1,100
Sb03g009870	NAP57 (H/ACA ribonucleoprotein complex subunit 4)		0,383	1,300
Sb10g006640	Chalcone isomerase		0,286	1,100
Sb02g030540	Ras-related protein RABA3		-0,252	-1,000
Sb06g021010	PGLP1 (2-PHOSPHOGLYCOLATE PHOSPHATASE 1); phosphoglycolate phosphatase		-0,283	-1,200
Sb05g018080	Haloacid dehalogenase-like hydrolase family protein		-0,310	-1,000
Sb06g025230	Putative brefeldin A-inhibited guanine nucleotide-exchange protein 1 (Big1)		-0,323	-1,200

Sb03g043120	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein		-0,330	-1,2
Sb01g014190	P-loop containing nucleoside triphosphate hydrolase superfamily protein		-0,332	-1,2
Sb06g012950	NPQ1 (NON-PHOTOCHEMICAL QUENCHING 1); violaxanthin de-epoxidase		-0,344	1,1
Sb07g002550	AAE14 (Acyl-Activating Enzyme 14); AMP binding / o-succinylbenzoate-CoA ligase		-0,358	-1,2
Sb03g044830	Heparan-alpha-glucosaminide N-acetyltransferase-like protein (DUF1624)		-0,372	-1,1
Sb04g024890	Rhodanese-like domain-containing protein 11, chloroplastic		-0,382	-1,1
Sb02g043280	ACHT4 (ATYPICAL CYS HIS RICH THIOREDOXIN 4); oxidoreductase		-0,427	-1,4
Sb02g010470	Tyrosine decarboxylase, putative		-0,454	-1,1
Sb01g010220	NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 1, mitochondrial		-0,530	-1,2
Sb10g000690	Uncharacterized membrane protein Yjcl		-0,559	-1,2
Sb06g001450	NPH3 (NON-PHOTOTROPIC HYPOCOTYL 3); protein binding / signal transducer		-0,589	-1,2
Sb01g038030	SAG20 (SENESCENCE ASSOCIATED GENE 20)	-1,283	-0,628	-1,5
Sb02g038710	Putative 6-phosphogluconolactonase 2		-0,749	-1,5
Sb10g023390	Agenet domain-containing protein		-1,384	-2,1
Sb03g030330	Protein RADIALIS-like 6; Protein RAD-like 6; Protein RADIALIS-LIKE SANT/MYB 3/ transcription factor		Reprimido	Reprimido

Fonte: elaborado pelo autor.

Tabela S3. Genes diferencialmente expressos – GDEs (Up/Down e induzidos/reprimidos) nas comparações entre plantas de sorgo (CSF20 × CSF18) submetidas aos tratamentos isolados e combinados de salinidade e temperatura elevada. Diferentes comparações são mostradas na tabela; SAL20 × SAL18, TE20 × TE18 e COMB20 × COMB18. A presente tabela engloba todos os GDEs identificados nas diferentes comparações entre os dois genótipos de sorgo (CSF20 × CSF18). Para mais detalhes ver legenda da **tabela S1**.

Id	Anotação gênica	SAL20 × SAL18	TE20 × TE18	COMB20 × COMB18
Sb01g021740	Unknown protein	Induzido		
Sb01g004120	Disease resistance-responsive family protein	Induzido		
Sb01g012300	CCR2 (COLD, CIRCADIAN RHYTHM, AND RNA BINDING 2); RNA binding	Induzido		
Sb01g012390	Putative NADH-ubiquinone oxidoreductase chain	Induzido		
Sb01g037845	Pentatricopeptide repeat-containing protein At5g50990-like isoform X1	Induzido		
Sb01g039297	PHD finger transcription factor, putative	Induzido		
Sb01g040480	Calcineurin-like phosphoesterase family protein	Induzido		
Sb01g045883	Pectinesterase family protein	Induzido		
Sb01g047260	Putative cytochrome c biogenesis	Induzido		
Sb02g001135	Peroxidase, putative	Induzido		
Sb02g027820	Transmembrane protein	Induzido		
Sb02g028430	Unknown protein	Induzido		
Sb02g028800	tRNA-splicing endonuclease positive effector-related	Induzido		
Sb02g038190	Zinc finger SWIM domain-containing protein 7	Induzido		
Sb02g043575	Unknown protein	Induzido		
Sb03g000666	B3 domain-containing protein /DNA binding	Induzido		
Sb03g004726	Unknown protein	Induzido		
Sb03g010210	AT4G36440-like protein	Induzido		
Sb03g011660	Putative HLH DNA-binding domain sInduzidoerfamily protein	Induzido		
Sb03g013680	Unknown protein	Induzido		
Sb03g038500	Heavy metal transport/detoxification sInduzidoerfamily protein	Induzido		

Sb03g039560	Putative FtsJ cell division protein	Induzido
Sb03g039730	Unknown protein	Induzido
Sb03g042377	Pectinacetylsterase family protein	Induzido
Sb03g046263	Protein CLT1, chloroplastic-like	Induzido
Sb04g001085	ATRX; ATP binding / DNA binding / helicase/ nucleic acid binding	Induzido
Sb04g022946	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein	Induzido
Sb04g030580	EMB2775 (EMBRYO DEFECTIVE 2775); Replication factor C subunit 3	Induzido
Sb05g005380	SWI/SNF complex subunit SWI3C-like	Induzido
Sb06g022850	Unknown protein	Induzido
Sb09g002005	Transmembrane protein	Induzido
Sb09g004890	Kelch_1 domain-containing protein/Dev_Cell_Death domain-containing protein	Induzido
Sb09g018000	SAG21 (SENESCENCE-ASSOCIATED GENE 21)	Induzido
Sb10g000850	Invertase/pectin methylesterase inhibitor family protein	Induzido
Sb10g013040	Unknown protein	Induzido
Sb10g024730	GDU5 (GLUTAMINE DUMPER 5)	Induzido
Sb10g026270	Transmembrane protein 230-like	Induzido
Sb10g029050	Auxin-responsive protein, putative / small auxin Induzido RNA (SAUR_D)	Induzido
Sb10g030100	Putative membrane lipoprotein	Induzido
Sb09g024250	Phosphate translocator-related	2,583
Sb01g002190	Kelch repeat-containing protein	2,327
Sb03g032190	Nodulin MtN3 family protein	2,324
Sb09g025570	O-methyltransferase family 2 protein	2,245
Sb01g045700	Kelch repeat-containing F-box family protein	2,241
Sb01g033470	Basic helix-loop-helix (bHLH) family protein	2,229
Sb01g009990	Protease inhibitor/seed storage/lipid transfer protein (LTP) family protein	2,196
Sb08g001590	Unknown protein	2,041

Sb02g025260	Putative S-adenosylmethionine-dependent methyltransferase RcsF	1,800
Sb10g028250	Protein kinase, putative	1,785
Sb09g024255	EID1-like F-box protein 3	1,716
Sb03g031790	GSTU18 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 18); glutathione transferase	1,682
Sb01g004880	Unknown protein	1,674
Sb01g046120	SDI1 (SULPHUR DEFICIENCY-INDUCED 1); binding	1,632
Sb01g010510	ARPN (PLANTACYANIN); copper ion binding / electron carrier	1,567
Sb07g006140	Exonuclease family protein	1,531
Sb07g025330	MYC2; DNA binding / transcription activator/ transcription factor	1,531
Sb01g009936	Protein kinase family protein	1,469
Sb06g026040	Zinc finger protein-related	1,453
Sb03g037575	SIB1 (SIGMA FACTOR BINDING PROTEIN 1); binding / protein binding	1,405
Sb05g002840	UF3GT (udp-glucose:flavonoid 3-O-glucosyltransferase); transferase	1,388
Sb04g007100	Disease resistance protein (NBS-LRR class), putative	1,327
Sb05g025520	Protein FRA10AC1	1,326
Sb02g007220	Ricin	1,281
Sb05g000850	F-box family protein	1,273
Sb06g023410	RNA-binding protein 25	1,252
Sb09g023420	ATP binding / ATPase/ nucleoside-triphosphatase/ nucleotide binding	1,250
Sb02g004650	Acidic endochitinase (CHIB1)	1,231
Sb06g024100	RNA recognition motif (RRM)-containing protein	1,199
Sb08g020070	EXS family protein / ERD1/XPR1/SYG1 family protein	1,192
Sb01g020430	Glycine-rich cell wall structural protein 2-like	1,182
Sb05g004530	Tropinone reductase, putative / tropine dehydrogenase, putative	1,173
Sb07g021320	MDH (MALATE DEHYDROGENASE)	1,153
Sb03g010340	Geranylgeranyl reductase	1,153
Sb04g007390	ATATH6; ATPase, colInduzidoled to transmembrane movement of substances	1,148

Sb02g024840	PDR12 (PLEIOTROPIC DRUG RESISTANCE 12); ATPase, colinduzidoled to transmembrane movement	1,072
Sb01g035130	Beta-adaptin, putative	0,994
Sb08g000360	Phosphoinositide-specific phospholipase C family protein	0,974
Sb03g031950	XPL1 (XIPOTL 1); methyltransferase/ phosphoethanolamine N-methyltransferase	0,964
Sb07g026330	MPL1 (MYZUS PERSICAE-INDUCED LIPASE 1); catalytic	0,955
Sb03g007380	MEE31 (MATERNAL EFFECT EMBRYO ARREST 31); mannose-6-phosphate isomerase	0,935
Sb10g006680	AAPT1 (AMINOALCOHOLPHOSPHOTRANSFERASE 1); phosphatidyltransferase	0,928
Sb06g025370	Protein LAZ1-like isoform X1	0,925
Sb09g005450	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein	0,925
Sb04g004300	Amine oxidase-related	0,892
Sb07g019240	Haloacid dehalogenase-like hydrolase family protein	0,888
Sb01g011590	Zinc finger (CCCH-type) family protein	0,870
Sb09g003250	Unknown protein	0,863
Sb03g009250	RAB GTPase activator	0,824
Sb04g003450	PRHA (PATHOGENESIS RELATED HOMEODOMAIN PROTEIN A); protein binding / sequence-specific DNA binding	0,824
Sb05g000340	Phosphoinositide-specific phospholipase C family protein	0,804
Sb02g039550	CYCD2;1 (Cyclin D2;1); cyclin-dependent protein kinase regulator/ protein binding	0,804
Sb09g001850	Calcium-transporting ATPase	0,776
Sb07g003340	ATP-binding region, ATPase-like domain-containing protein	0,754
Sb07g008100	TXND9 (THIOREDOXIN DOMAIN-CONTAINING PROTEIN 9 HOMOLOG)	0,742
Sb09g029750	O-acetyltransferase family protein	0,738
Sb01g038900	Glutathione transferase lambda 2	0,715
Sb10g000890	Haloacid dehalogenase-like hydrolase family protein	0,711
Sb07g020690	Chaperonin-like RBCX protein 1, chloroplastic	0,700

Sb09g023310	Alanine--glyoxylate aminotransferase, putative	0,684
Sb08g020980	Transducin family protein / WD-40 repeat family protein	0,663
Sb04g000500	AGL20 (AGAMOUS-LIKE 20); transcription factor	0,657
Sb09g026210	BTI1 (VIRB2-INTERACTING PROTEIN 1)	0,651
Sb01g046850	Transducin family protein / WD-40 repeat family protein	0,640
Sb10g011110	Chloroplast nucleoid DNA-binding protein, putative	-0,579
Sb09g001450	ACT domain-containing protein	-0,580
Sb06g022600	CAAX amino terminal protease	-0,589
Sb01g016820	Sodium symporter family protein	-0,596
Sb01g041840	Putative DNA-directed RNA polymerase subunit beta	-0,598
Sb06g015600	ACA1 (ALPHA CARBONIC ANHYDRASE 1); carbonate dehydratase/ zinc ion binding	-0,602
Sb03g026020	LUT2 (LUTEIN DEFICIENT 2); lycopene epsilon cyclase	-0,605
Sb01g031530	Cysteine-rich and transmembrane domain-containing protein A	-0,612
Sb07g023470	PGR5 (proton gradient regulation 5); electron carrier	-0,615
Sb09g025790	TPS1 (TREHALOSE-6-PHOSPHATE SYNTHASE)	-0,616
Sb06g026990	33 kDa ribonucleoprotein, chloroplast, putative / RNA-binding protein cp33, putative	-0,633
Sb06g021200	Glycine-rich protein	-0,633
Sb03g044830	Heparan-alpha-glucosaminide N-acetyltransferase	-0,636
Sb01g040750	BGAL8 (beta-galactosidase 8); beta-galactosidase/ catalytic/ cation binding / sugar binding	-0,644
Sb04g029080	HB-1 (HOMEBOX 1); DNA binding / protein homodimerization	-0,645
Sb03g024820	CAX3 (CATION EXCHANGER 3); calcium:cation antiporter	-0,649
Sb07g002550	AAE14 (Acyl-Activating Enzyme 14); AMP binding / o-succinylbenzoate- CoA ligase	-0,657
Sb0010s007570	Glycosyl hydrolase family 3 protein	-0,664
Sb01g021450	Osmotin-like protein, putative	-0,672
Sb01g000960	DCD (Development and Cell Death) domain protein - B2 protein-like	-0,674
Sb04g028950	Protein CURVATURE THYLAKOID 1A, chloroplastic	-0,675

Sb01g001010	WD-40 repeat family protein	-0,676
Sb01g016690	Putative MYB DNA-binding domain sInduzidoerfamily protein	-0,683
Sb01g044140	Auxin-responsive family protein	-0,699
Sb09g021590	TLP10 (TUBBY LIKE PROTEIN 10); phosphoric diester hydrolase/ transcription factor	-0,711
Sb03g022580	Lipase family protein	-0,722
Sb01g004360	Carboxyl-terminal peptidase (DUF239)	-0,728
Sb01g029910	EMB975 (EMBRYO DEFECTIVE 975); Pentatricopeptide repeat- containing protein	-0,732
Sb03g017600	Photosystem II CP47 reaction center protein;PsbB	0,736
Sb06g021010	PGLP1 (2-PHOSPHOGLYCOLATE PHOSPHATASE 1); phosphoglycolate phosphatase	-0,742
Sb01g029400	Glycogenin glucosyltransferase (glycogenin)-related	-0,748
Sb06g020650	DNA binding / nuclease	-0,748
Sb10g001750	Ankyrin repeat family protein	-0,753
Sb06g016860	Subtilase family protein	-0,753
Sb04g025510	Putative protein (DUF1218)	-0,756
Sb03g046660	CH1 (CHLORINA 1); chlorophyllide a oxygenase	-0,756
Sb04g022180	GDSL-motif lipase, putative	-0,764
Sb10g022420	ATP binding / carbohydrate binding / kinase/ protein kinase	-0,791
Sb02g038480	Proline-rich family protein	-0,792
Sb06g031850	Zinc finger (CCCH-type) family protein	-0,795
Sb05g001300	RPT2 (ROOT PHOTOTROPISM 2); protein binding	-0,798
Sb03g026070	HAB2; catalytic/ protein serine/threonine phosphatase	-0,797
Sb01g046650	Metal ion binding	-0,802
Sb02g007460	Cytidine/deoxycytidylate deaminase family protein	-0,832
Sb03g007550	CYP71A25; electron carrier/ heme binding	-0,832
Sb03g035470	uvrB/uvrC motif-containing protein	-0,854
Sb01g023070	Mitochondrial substrate carrier family protein	-0,861
Sb06g001140	Subtilase family protein	-0,865

Sb05g025125	Ribulose biphosphate carboxylase large chain	-0,881
Sb05g008360	ATP binding / carbohydrate binding / kinase	-0,893
Sb07g003450	Protein ENHANCED DISEASE RESISTANCE 2-like	-0,912
Sb09g017150	60S ribosomal protein L29 (RPL29B)	-0,923
Sb07g002870	UCC1 (UCLACYANIN 1); copper ion binding / electron carrier	-0,928
Sb01g004340	Sterol O-acyltransferase, putative (DUF1639)	-0,930
Sb10g015270	BRO1 domain-containing protein BROX homolog	-0,930
Sb07g023910	Malate dehydrogenase	-0,939
Sb10g024200	C2 domain-containing protein	-0,940
Sb01g041940	Unknown protein	-0,941
Sb09g027160	Polygalacturonase, putative / pectinase, putative	-0,943
Sb03g011930	SAM-2 (S-ADENOSYLMETHIONINE SYNTHETASE 2); methionine adenosyltransferase	-0,971
Sb04g030590	PPa4 (pyrophosphorylase 4); inorganic diphosphatase	-0,975
Sb02g003436	Unknown protein	-0,976
Sb01g014800	LBD37 (LOB DOMAIN-CONTAINING PROTEIN 37)	-0,999
Sb02g022540	Leucine-rich repeat transmembrane protein kinase, putative	-1,019
Sb04g006200	GDU5 (GLUTAMINE DUMPER 5)	-1,019
Sb10g003610	Synbindin, putative	-1,025
Sb06g003190	DSBA-like thioredoxin domain containing protein	-1,031
Sb03g040840	UDP-glucuronosyl/UDP-glucosyl transferase family protein	-1,045
Sb02g030220	FUC1 (alpha-L-fucosidase 1); alpha-L-fucosidase	-1,047
Sb01g032240	Putative MYB DNA-binding domain sInduzidoerfamily protein	-1,860
Sb09g002210	iqd2 (IQ-domain 2); calmodulin binding	-1,054
Sb08g019560	NPY2 (NAKED PINS IN YUC MUTANTS 2); protein binding / signal transducer	-1,056
Sb03g037685	S-adenosyl-L-methionine-dependent methyltransferases sInduzidoerfamily protein	-1,061
Sb03g028130	Pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein	-1,078
Sb06g025780	Dehydration-responsive protein-related	-1,102

Sb02g002120	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing protein	-1,108	
Sb01g009025	Catalytic/ protein binding / serine-type endopeptidase/ serine-type peptidase	-1,120	
Sb05g006893	Bacterial hemolysin-related	-1,140	
Sb03g041085	ARM repeat sInduzidoerfamily protein	-1,149	
Sb09g008070	SD2-5 (S-DOMAIN-2 5); carbohydrate binding / kinase/ protein kinase	-1,152	
Sb02g043480	AHBP-1B; DNA binding / transcription activator/ transcription factor	-1,223	
Sb10g026660	Neurochondrin family protein	-1,239	
Sb03g011590	GLP5 (GERMIN-LIKE PROTEIN 5); manganese ion binding / nutrient reservoir	-1,246	
Sb03g040050	DET2 (DE-ETIOLATED 2); sterol 5-alpha reductase	-1,256	
Sb04g001030	scpl49 (serine carboxypeptidase-like 49); serine-type carboxypeptidase	-1,301	
Sb02g036120	F-box family protein	-1,348	
Sb01g029590	Trehalose-6-phosphate phosphatase, putative	-1,356	
Sb01g048720	ELM2 domain-containing protein / PHD finger family protein	-1,382	
Sb07g004720	MAT; O-malonyltransferase/ transferase	-1,445	
Sb01g028760	OST1 (OPEN STOMATA 1); SnRK2; calcium-dependent protein serine	-1,479	
Sb09g005550	Senescence-associated protein-related	-1,522	
Sb03g009140	Haloacid dehalogenase-like hydrolase family protein	-1,531	
Sb06g020200	Surfeit locus protein 2 containing protein	-1,598	
Sb04g005610	bZIP transcription factor sInduzidoerfamily protein	-1,764	
Sb03g042450	LOX1; lipoxygenase	-1,945	
Sb04g006890	26.5 kDa class I small heat shock protein-like (HSP26.5-P)	-1,833	-2,325
Sb01g026960	Aldo/keto reductase, putative	-2,145	
Sb01g043540	NPY2 (NAKED PINS IN YUC MUTANTS 2); protein binding / signal transducer	-2,363	
Sb10g001560	Probable transcriptional regulator SLK3	-12,744	
Sb02g040965	Unknown protein	Reprimido	
Sb03g027360	BAT1 (BIDIRECTIONAL AMINO ACID TRANSPORTER 1)	Reprimido	
Sb03g040200	Josephin protein-related	Reprimido	

Sb04g030130	Unknown protein	Reprimido	
Sb04g034570	GCN5-related N-acetyltransferase (GNAT) family protein	Reprimido	
Sb06g016710	RAP2.6 (related to AP2 6); DNA binding / transcription factor	Reprimido	
Sb08g002593	Ubiquitin thioesterase otubain-like isoform X1	Reprimido	
Sb01g006870	Unknown protein		Induzido
Sb01g013270	AFO (ABNORMAL FLORAL ORGANS); protein binding / transcription factor		Induzido
Sb01g027970	Histone H3.2		Induzido
Sb01g048380	LCR69 (LOW-MOLECULAR-WEIGHT CYSTEINE-RICH 69); peptidase inhibitor		Induzido
Sb02g001130	Peroxidase 50 (PER50) (P50) (PRXR2)		Induzido
Sb02g003315	Putative abhydrolase domain-containing protein DDB_G0269086-like		Induzido
Sb02g028060	Nuclear ribonuclease Z		Induzido
Sb02g037790	Putative Zcf37, a zinc finger protein		Induzido
Sb03g034780	ATERF-1 (ETHYLENE RESPONSIVE ELEMENT BINDING FACTOR 1); DNA binding		Induzido
Sb03g039910	Universal stress protein (USP) family protein		Induzido
Sb04g031090	COMPLEX 1 LYR-like protein		Induzido
Sb06g016150	COPT1 (copper transporter 1); copper ion transmembrane transporter		Induzido
Sb06g026630	Senescence-associated protein-related		Induzido
Sb06g028390	Unknown protein		Induzido
Sb07g003745	Unknown protein		Induzido
Sb07g004320	POLD4 (POLYMERASE DELTA 4); DNA-directed DNA polymerase		Induzido
Sb09g027986	Kinesin-like protein KIF22-A isoform X2		Induzido
Sb10g006470	Tail-anchored protein insertion receptor WRB (LOC103978695), mRNA		Induzido
Sb10g024360	ATP-dependent helicase/nuclease subunit A isoform 1		Induzido
Sb02g020860	LPP2 (LIPID PHOSPHATE PHOSPHATASE 2); acid phosphatase/ phosphatidate phosphatase		10,673
Sb04g022677	ACR3; amino acid binding		2,241
Sb09g007930	GCN5-related N-acetyltransferase (GNAT) family protein		2,044

Sb05g022230	RHF2A (RING-H2 GROInduzido F2A); protein binding / zinc ion binding	1,887
Sb10g031125	ATIPT9; ATP binding / tRNA isopentenyltransferase	1,785
Sb03g001770	Unknown protein	1,469
Sb04g006990	SPX2 (SPX DOMAIN GENE 2)	1,343
Sb10g031020	Phytoene synthase (PSY) / geranylgeranyl-diphosphate geranylgeranyl transferase	1,329
Sb06g029200	AT hook motif family protein	1,309
Sb01g030130	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein	1,296
Sb08g003100	Calmodulin-binding family protein	1,278
Sb04g023230	Pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein	1,040
Sb04g020690	ATFP3; metal ion binding / transition metal ion binding	0,998
Sb02g003600	Putative carboxylesterase 15	0,949
Sb02g032300	PMI1 (PLASTID MOVEMENT IMPAIRED1)	0,828
Sb09g022060	Myb family transcription factor	0,822
Sb04g025560	Acetolactate synthase small subunit, putative	0,701
Sb01g007560	Glucan phosphorylase, putative	-0,616
Sb03g028510	Mitochondrial import receptor subunit TOM7	-0,627
Sb08g002690	LP1; calmodulin binding	-0,629
Sb01g010670	Integral membrane protein DUF6 containing protein	-0,629
Sb04g036350	scpl26 (serine carboxypeptidase-like 26); serine-type carboxypeptidase	-0,633
Sb01g040150	SQD2 (sulfoquinovosyldiacylglycerol 2); UDP-glycosyltransferase	-0,672
Sb06g018220	Zeaxanthin epoxidase	-0,678
Sb09g024940	XBCP3 (xylem bark cysteine peptidase 3); cysteine-type endopeptidase	-0,679
Sb04g034520	EFE (ETHYLENE-FORMING ENZYME); 1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase	-0,681
Sb09g021360	Aminotransferase class I and II family protein	-0,693
Sb07g021980	PGDH (3-PHOSPHOGLYCERATE DEHYDROGENASE); phosphoglycerate dehydrogenase	-0,694
Sb03g008870	Hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	-0,694

Sb01g028230	MYC2; DNA binding / transcription activator/ transcription factor	-0,699
Sb01g049670	TIM9: Mitochondrial import inner membrane translocase subunit TIM9	-0,702
Sb04g005480	CM2 (chorismate mutase 2); chorismate mutase	-0,725
Sb03g038150	HEAT repeat-containing protein	-0,726
Sb07g022500	OPR3 (OPDA-REDUCTASE 3); 12-oxophytodienoate reductase	-0,734
Sb03g024250	Nodulin MtN3 family protein	-0,746
Sb05g003750	BLH1 (BEL1-LIKE HOMEODOMAIN 1); DNA binding	-0,749
Sb02g034980	GPT2; glutamic--pyruvic transaminase 2	-0,755
Sb06g012520	SSI2; acyl-[acyl-carrier-protein] desaturase/ stearyl-CoA 9-desaturase	-0,757
Sb05g022900	DJ-1 family protein	-0,763
Sb02g039660	DAHP: 2-dehydro-3-deoxyphosphoheptonate aldolase	-0,763
Sb01g040490	Dynamin family protein	-0,764
Sb01g017460	Putative F-box protein SKIP31	-0,769
Sb09g023040	Phosphatidylethanolamine-binding family protein	-0,781
Sb07g022670	GAD; calmodulin binding / glutamate decarboxylase	-0,785
Sb09g005970	VSP2 (VEGETATIVE STORAGE PROTEIN 2); acid phosphatase	-0,787
Sb05g020850	DNA ligase 1 isoform X1	-0,790
Sb07g027770	MRP14; ATPase, coupled to transmembrane movement of substances	-0,792
Sb02g028940	O-fucosyltransferase family protein	-0,794
Sb06g025250	Serine-type endopeptidase/ serine-type peptidase	-0,796
Sb02g029690	DEAD/DEAH box helicase, putative (RH28)	-0,799
Sb04g008530	RPL16A; structural constituent of ribosome	-0,801
Sb02g041980	ERD15 (EARLY RESPONSIVE TO DEHYDRATION 15); protein binding	-0,804
Sb07g024320	Monodehydroascorbate reductase	-0,810
Sb03g004190	Homeobox even-skipped homolog protein 2	-0,811
Sb04g022120	U-box domain-containing protein	-0,817
Sb10g005340	Protein NUCLEAR FUSION DEFECTIVE 4-likenodulin family protein	-0,821
Sb06g029440	ATXR2 (HISTONE-LYSINE N-METHYLTRANSFERASE ATXR2); zinc ion binding	-0,825

Sb04g000570	Protein transport protein SEC16B-like protein	-0,825
Sb10g029510	Prephenate dehydrogenase family protein	-0,826
Sb06g030410	Oxidoreductase, 2OG-Fe(II) oxygenase family protein	-0,829
Sb06g014430	Histone H2A.Z-specific chaperone CHZ1	-0,833
Sb06g020020	AOC; Copper amine oxidase, putative	-0,834
Sb01g047550	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like sInduzidoerfamily protein	-0,835
Sb03g040350	Glycoside hydrolase starch-binding domain-containing protein	-0,847
Sb06g023440	TRX-M4 (THIOREDOXIN M-TYPE 4); enzyme activator	-0,849
Sb05g018376	ATP binding / DNA binding	-0,854
Sb01g048280	CAT2 (CATALASE 2); catalase	-0,855
Sb09g002800	In2-1 protein, putative	-0,860
Sb01g014550	Oxidoreductase, 2OG-Fe(II) oxygenase family protein	-0,865
Sb02g002260	SCPL27 (serine carboxypeptidase-like 27); serine-type carboxypeptidase	-0,866
Sb06g013900	Nodulin family protein	-0,870
Sb04g036570	PPCK1 (PHOSPHOENOLPYRUVATE CARBOXYLASE KINASE)	-0,874
Sb02g013010	MYB73 (MYB DOMAIN PROTEIN 73); DNA binding / transcription factor	-0,880
Sb03g039800	Bowman-Birk type trypsin inhibitor precursor	-0,880
Sb03g034150	Peptidase M28 family protein	-0,881
Sb03g038460	Succinate dehydrogenase subunit 5, mitochondrial	-0,902
Sb07g027480	HMG1 (HYDROXY METHYLGLUTARYL COA REDUCTASE 1)	-0,903
Sb10g010710	Sister chromatid cohesion protein PDS5 homolog B-like isoform X1	-0,915
Sb02g009870	Starch synthase, putative	-0,920
Sb02g034060	C2 domain-containing protein	-0,929
Sb01g048200	OPCL1 (OPC-8:0 COA LIGASE1); 4-coumarate-CoA ligase	-0,929
Sb06g022820	Senescence regulator (Protein of unknown function, DUF584)	-0,929
Sb10g028140	ILL6 - IAA-amino acid hydrolase ILR1-like 6	-0,932
Sb08g000550	ATFER4 (ferritin 4); binding / ferric iron binding / oxidoreductase	-0,934

Sb03g006420	PTR1 (PEPTIDE TRANSPORTER 1); dipeptide transporter/ transporter/ tripeptide transporter	-0,952	
Sb10g009140	Caleosin-related family protein	-0,953	
Sb06g015290	Putative pentatricopeptide repeat-containing protein	-0,956	
Sb08g022210	MS1; 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine S-methyltransferase	-0,957	
Sb04g005410	Uncharacterized conserved protein UCP015417, vWA	-0,964	
Sb10g023690	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like sInduzidoerfamily protein	-0,969	
Sb08g001550	Putative serine/threonine-protein phosphatase 7 long form homolog	-0,975	
Sb06g001350	Putative inosine-5'-monophosphate dehydrogenase	-0,977	
Sb10g025730	J8; heat shock protein binding / unfolded protein binding	-0,983	
Sb03g041770	F-box protein SKP2B	-0,992	
Sb02g031170	Ribonuclease T2 family protein	-0,997	
Sb02g031090	1-phosphatidylinositol phosphodiesterase-related	-1,006	
Sb06g022450	BGLU46 (BETA GLUCOSIDASE 46); catalytic/ cation binding	-1,007	
Sb05g010360	CYP94B3; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase	-1,012	
Sb01g044580	Alcohol dehydrogenase, putative	-1,019	
Sb06g015400	Calcineurin-like phosphoesterase family protein	-1,022	
Sb03g006000	GGT4 (GAMMA-GLUTAMYL TRANSPEPTIDASE 4); gamma-glutamyltransferase	-1,049	
Sb02g031160	Ribonuclease T2 family protein	-1,055	
Sb04g031050	XTR4 (XYLOGLUCAN ENDOTRANSGLYCOSYLASE 4); hydrolase	-1,056	
Sb04g021500	CTR1 (CONSTITUTIVE TRIPLE RESPONSE 1); kinase/ protein binding	-1,067	
Sb08g019850	Phragmoplast orienting kinesin 2 isoform X1	-1,068	
Sb10g029590	Benzyl alcohol O-benzoyltransferase-like	-1,071	
Sb03g010510	Phenazine biosynthesis PhzC/PhzF family protein/ isomerase BH0283-like	-1,071	
Sb04g003040	HCF173 (high chlorophyll fluorescence phenotype 173); binding	-1,072	
Sb03g028290	Putative WRKY transcription factor 19	-1,075	2,437

Sb02g036360	F-box family protein	-1,076
Sb08g005415	GDP-L-galactose phosphorylase 2-like	-1,095
Sb02g030830	NYE1 (NON-YELLOWING 1)/ senescence-inducible chloroplast stay-green protein	-1,079
Sb02g009120	AAO3 (Abscisic ALDEHYDE OXIDASE 3); abscisic aldehyde oxidase	-1,134
Sb08g005000	AAP3; amino acid transmembrane transporter	-1,145
Sb04g018431	MS2 (MALE STERILITY 2); fatty acyl-CoA reductase (alcohol-forming)/ oxidoreductase	-1,157
Sb08g002680	LP1; calmodulin binding	-1,167
Sb03g007330	ENDO4 (endonuclease 4); T/G mismatch-specific endonuclease	-1,199
Sb01g045660	Unknown protein	-1,242
Sb03g003200	PAP1 (PHYTOCHROME-ASSOCIATED PROTEIN 1); transcription factor	-1,554
Sb03g030240	AMSH-like ubiquitin thioesterase 2	-1,718
Sb04g018290	Indole-3-glycerol phosphate synthase (IGPS)	-1,982
Sb05g022410	Zinc knuckle (CCHC-type) family protein	-1,986
Sb02g009420	CYP71B35; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase	-1,201
Sb03g004380	Electron carrier/ heme binding / peroxidase	-1,206
Sb03g032500	IAR3 (IAA-ALANINE RESISTANT 3); IAA-Ala conjugate hydrolase/ metallopeptidase	-1,214
Sb06g024400	nudt8 (Nudix hydrolase homolog 8); hydrolase	-1,218
Sb09g028890	Iron-sulfur cluster assembly protein 1	-1,230
Sb09g020230	CXE17 (carboxyesterase 17); hydrolase	-1,232
Sb01g027040	PTR2 (PEPTIDE TRANSPORTER 2); dipeptide transporter	-1,233
Sb07g028020	XYLT (BETA-1,2-XYLOSYLTRANSFERASE); xylosyltransferase	-1,236
Sb07g001760	DNA-binding family protein	-1,238
Sb10g003310	MKK2 (MAP KINASE KINASE 2); MAP kinase kinase/ kinase	-1,242
Sb09g029610	APL2 (ADPGLC-PPASE LARGE SUBUNIT); glucose-1-phosphate adenylyltransferase	-1,239

Sb04g005010	HKT1 (HIGH-AFFINITY K ⁺ TRANSPORTER 1); sodium ion transmembrane transporter	-1,244
Sb01g037970	Bet v I allergen family protein	-1,245
Sb01g044550	RABA4a (Rab GTPase homolog A4a); GTP binding	-1,264
Sb02g035500	CRK10 (CYSTEINE-RICH RLK10); ATP binding / kinase/ protein kinase	-1,274
Sb07g001250	AGL12 (AGAMOUS-LIKE 12); transcription factor	-1,281
Sb02g038890	Translation initiation factor IF-2-like	-1,300
Sb10g028960	ABC1 family protein	-1,312
Sb01g017300	Serine carboxypeptidase S28 family protein	-1,330
Sb08g009120	Atherin-like	-1,333
Sb04g024020	Cell number regulator 2-like isoform X1/protein PLANT CADMIUM RESISTANCE 2-like	-1,339
Sb09g005430	AXR3 (AUXIN RESISTANT 3); transcription factor	-1,345
Sb10g021160	CAT8 (CATIONIC AMINO ACID TRANSPORTER 8); basic amino acid transmembrane transporter	-1,365
Sb02g043220	Hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	-1,371
Sb10g025740	NADPH HC toxin reductase	-1,379
Sb01g049030	DMR6 (ReprimidoY MILDEW RESISTANT 6); oxidoreductase/ oxidoreductase	-1,385
Sb05g003070	Calmodulin-binding family protein	-1,390
Sb09g028300	MRH1 (morphogenesis of root hair 1); ATP binding / protein binding	-1,394
Sb03g001430	Putative cytoplasmic tRNA 2-thiolation protein	-1,408
Sb05g003670	Proline-rich receptor-like protein kinase PERK2	-1,421
Sb09g026865	HAB1 (HOMOLOGY TO ABI1); catalytic/ protein serine/threonine phosphatase	-1,432
Sb03g008100	Serine/threonine protein kinase, putative	-1,434
Sb02g031490	DUF630 family protein, putative (DUF630 and DUF632)	-1,447
Sb03g004490	Universal stress protein (USP) family protein	-1,477
Sb02g028210	TDT (TONOPLAST DICARBOXYLATE TRANSPORTER); sodium:dicarboxylate symporter	-1,477
Sb02g032290	Ecotropic viral integration site protein	-1,486

Sb02g025810	Subtilase family protein	-1,493
Sb09g030320	BCS1 (CYTOCHROME BC1 SYNTHESIS); ATP binding / ATPase/ nucleoside-triphosphatase	-1,512
Sb02g003810	NAMT1; S-adenosylmethionine-dependent methyltransferase	-1,519
Sb04g037800	PIP1;4 (PLASMA MEMBRANE INTRINSIC PROTEIN 1;4); water channel	-1,520
Sb06g026580	RHA3A; protein binding / zinc ion binding	-1,523
Sb03g005090	RLP7 (Receptor Like Protein 7); kinase/ protein binding	-1,526
Sb03g032650	PAO5 (Polyamine oxidase 5); amine oxidase/ electron carrier/ oxidoreductase	-1,543
Sb03g043420	Unknown protein	-1,596
Sb09g000290	JMT (JASMONIC ACID CARBOXYL METHYLTRANSFERASE); jasmonate O-methyltransferase	-1,599
Sb04g029150	Ribosomal RNA-processing protein 7 homolog A-like	-1,614
Sb04g006480	LOX2 (LIPOXYGENASE 2); lipoxygenase	-1,621
Sb02g043260	Hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	-1,636
Sb06g030880	UGT89B1 (UDP-GLUCOSYL TRANSFERASE 89B1); UDP- glycosyltransferase	-1,658
Sb02g025910	Serine/threonine-protein kinase	-1,678
Sb02g023650	HB-1 (HOMEBOX 1); DNA binding / protein homodimerization	-1,702
Sb04g001130	CAT1 (CATALASE 1); catalase	-1,736
Sb05g023730	Basic helix-loop-helix (bHLH) family protein	-1,791
Sb02g001940	Putative glycine-rich protein	-1,802
Sb03g044960	Flowering-promoting factor 1-like protein 2, FLP1 (FPF1-LIKE PROTEIN 1)	-1,868
Sb07g023620	Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 15a-like isoform X1	-1,899
Sb03g008180	Serine/threonine protein kinase family protein	-1,914
Sb05g020760	BOI-related E3 ubiquitin-protein ligase 1-like / zinc ion binding	-1,928
Sb08g022140	Plant cysteine oxidase 2-like	-1,931
Sb02g021450	Xanthine/uracil permease family protein	-2,011
Sb01g042740	FRD3 (FERRIC REDUCTASE DEFECTIVE 3); antiporter/ transporter	-2,070

Sb10g028070	EXLB2 (EXPANSIN-LIKE B2 PRECURSOR)	-2,329	
Sb03g030860	ATP synthase protein I -related	-2,373	
Sb01g036330	SAC52 (SInduzidoPRESSOR OF ACAULIS 52); structural constituent of ribosome	-2,208	
Sb03g028690	CYP72A14; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase	-2,457	
Sb04g005510	CCR1 (CINNAMOYL COA REDUCTASE 1); cinnamoyl-CoA reductase	-2,492	
Sb01g013520	NCED3 (NINE-CIS-EPOXYCAROTENOID DIOXYGENASE 3); 9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase	-2,577	
Sb01g001660	Late embryogenesis abundant family protein / LEA family protein	-2,717	
Sb05g003200	CENTRORADIALIS/TFL1-like flowering time protein	-2,831	
Sb03g045460	BG3 (BETA-1,3-GLUCANASE 3); cellulase/ hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds	-2,917	
Sb09g025470	GA2OX2 (GIBBERELLIN 2-OXIDASE); gibberellin 2-beta-dioxygenase	-2,922	
Sb08g007650	BGLU13 (BETA GLUCOSIDASE 13); catalytic/ cation binding	-3,577	
Sb04g005520	WRKY60; transcription factor	-3,514	2,130
Sb01g007020	Putative transcription factor KAN4	Reprimido	
Sb01g019190	Transmembrane protein	Reprimido	
Sb01g023150	Myosin-15-like	Reprimido	
Sb03g005750	Transmembrane protein	Reprimido	
Sb03g028530	WRKY71; transcription factor	Reprimido	1,238
Sb03g036960	DUF4228 domain protein	Reprimido	
Sb04g026280	Enzyme of the clnduzido in sInduzidoerfamily	Reprimido	
Sb07g002710	Glycosyl hydrolase family protein 17	Reprimido	
Sb07g005410	Polyphenol oxidase	Reprimido	
Sb07g020230	Transcription factor IBH1-like	Reprimido	
Sb07g021850	Glycine-rich cell wall structural protein-like	Reprimido	
Sb08g018710	Putative osmotin-like protein	Reprimido	
Sb09g006920	Unknown protein	Reprimido	
Sb09g024900	GDSL esterase/lipase	Reprimido	Induzido

Sb01g002600	Putative haloacid dehalogenase-like hydrolase (HAD) sInduzidoerfamily protein	Induzido
Sb01g009933	Putative serine/threonine-protein kinase dyrk2	Induzido
Sb01g028180	Unknown protein	Induzido
Sb01g048970	KNAT7 (KNOTTED-LIKE HOMEBOX 7); transcription factor	Induzido
Sb02g021120	Pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein	Induzido
Sb02g021530	Sugar transport protein 14	Induzido
Sb03g001120	U11/U12 small nuclear ribonucleoprotein 59	Induzido
Sb03g005220	RPL3P (RIBOSOMAL PROTEIN L3 PLASTID)	Induzido
Sb03g033610	Unknown protein	Induzido
Sb03g038770	Zinc finger (HIT type) family protein	Induzido
Sb03g043840	RIC4 (ROP-INTERACTIVE CRIB MOTIF-CONTAINING PROTEIN 4); protein binding	Induzido
Sb04g001640	FAM206 family protein/protein Simiate	Induzido
Sb04g017770	PSRP5 (PLASTID-SPECIFIC 50S RIBOSOMAL PROTEIN 5)	Induzido
Sb04g028310	Putative D-ribose-binding periplasmic protein	Induzido
Sb05g002350	U4/U6.U5 small nuclear ribonucleoprotein 27 kDa protein	Induzido
Sb05g002960	PSK1; growth factor/PHYTOSULFOKINE 3 PRECURSOR	Induzido
Sb05g004670	Coatomer beta subunit, putative / beta-coat protein, putative / beta-COP, putative	Induzido
Sb07g021860	HMGA (HIGH MOBILITY GROInduzido A); DNA binding	Induzido
Sb07g024750	Auxin-responsive family protein	Induzido
Sb08g003210	CENTRORADIALIS; phosphatidylethanolamine binding	Induzido
Sb09g020500	Unknown protein	Induzido
Sb09g029870	Late embryogenesis abundant protein	Induzido
Sb10g026550	Myb family transcription factor	1,703
Sb03g033640	WRKY14	1,702
Sb04g005350	Glutamine amidotransferase class-I domain-containing protein	1,700
Sb01g033850	Disease resistance protein (NBS-LRR class), putative	1,398
Sb04g008730	DMC1 (DISRInduzidoTION OF MEIOTIC CONTROL 1); ATP binding	1,305

Sb06g014770	Sphere organelles protein-related	1,291
Sb02g036030	CSLD2 (CELLULOSE-SYNTHASE LIKE D2); cellulose synthase/ transferase	1,277
Sb05g008910	Disease resistance-responsive family protein	1,243
Sb05g003930	RPM1 (RESISTANCE TO P. SYRINGAE PV MACULICOLA 1); nucleotide binding	1,234
Sb10g012080	AAE1 (ACYL ACTIVATING ENZYME 1); AMP binding	1,220
Sb09g021770	Myb family transcription factor	1,166
Sb08g023030	RPM1 (RESISTANCE TO P. SYRINGAE PV MACULICOLA 1); nucleotide binding	1,060
Sb03g044400	CYP79B2; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase	1,026
Sb07g007570	AAP3; amino acid transmembrane transporter	1,029
Sb02g007740	Jacalin lectin family protein	0,998
Sb10g027460	Plastocyanin-like domain-containing protein	0,993
Sb07g015000	Putative mediator of RNA polymerase II transcription subunit 19b	0,958
Sb10g006780	PANK2 (PANTOTHENATE KINASE 2); pantothenate kinase	0,928
Sb09g005810	NADP-ME3 (NADP-malic enzyme 3); malate dehydrogenase (oxaloacetate-decarboxylating)	0,923
Sb02g036870	Plastocyanin-like domain-containing protein / mavicyanin, putative	0,912
Sb07g015030	Pirin, putative	0,900
Sb02g040540	NAP57 (homologue of NAP57); pseudouridine synthase	0,867
Sb07g006900	Merozoite surface protein-related	0,850
Sb01g005150	Tryptophan synthase, alpha subunit, putative	0,835
Sb01g029210	Transcription factor UNE10 isoform X2	0,815
Sb10g004470	Zinc ion binding	0,801
Sb07g028030	TDT (TONOPLAST DICARBOXYLATE TRANSPORTER); sodium:dicarboxylate symporter	0,786
Sb01g007000	AOS (ALLENE OXIDE SYNTHASE); allene oxide synthase/ hydro-lyase/ oxygen binding	0,783
Sb01g014690	F-box family protein	0,717

Sb02g006980	AL2 (ALFIN-LIKE 2); DNA binding / methylated histone residue binding	0,715
Sb01g002300	Lipase class 3 family protein	0,714
Sb08g016720	DNA binding protein	0,706
Sb02g019440	emb1381 (embryo defective 1381)	0,696
Sb06g006110	Carbohydrate esterase, putative (DUF303)	0,692
Sb05g025240	Adenylylsulfate kinase, putative	0,688
Sb07g001795	Putative homeodomain-like sInduzidoerfamily protein	0,675
Sb04g001760	TPS14 (TERPENE SYNTHASE 14); S-linalool synthase	0,670
Sb06g022240	ATP binding / ATP-dependent helicase/ helicase/ nucleic acid binding	0,622
Sb07g015150	Alpha/beta hydrolase family protein	0,620
Sb09g001590	MYB111 (MYB DOMAIN PROTEIN 111); DNA binding / transcription factor	0,619
Sb04g003440	BIN4 (brassinosteroid-insensitive4); double-stranded DNA binding	0,617
Sb07g005030	SNF2 domain-containing protein / helicase domain-containing protein	0,578
Sb09g028250	GC5 (golgin candidate 5); protein binding	-0,545
Sb10g003890	GDSL-motif lipase/hydrolase family protein	-0,553
Sb08g018230	Pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein	-0,559
Sb04g027550	Ribosomal protein L29 family protein	-0,565
Sb06g029210	Apolipoprotein D-related	-0,567
Sb07g025510	Immunophilin / FKBP-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase family protein	-0,569
Sb01g038810	Ribosomal protein L10 family protein	-0,576
Sb01g042610	RPL15; structural constituent of ribosome	-0,578
Sb02g000230	Protein TIC 62, chloroplastic isoform X1	-0,582
Sb03g045320	PSB28 (PHOTOSYSTEM II REACTION CENTER PSB28 PROTEIN)	-0,588
Sb10g002990	FATB (fatty acyl-ACP thioesterases B); acyl carrier/ acyl-[acyl-carrier-protein] hydrolase	-0,590
Sb02g037840	Peroxidase, putative	0,592
Sb01g027850	Plastidal glycolate/glycerate translocator 1, chloroplastic	-0,594
Sb08g003300	GUN4; enzyme binding / tetrapyrrole binding	-0,596

Sb06g032740	Magnesium-chelatase subunit chlH, chloroplast, putative	-0,599
Sb04g030950	PRK (PHOSPHORIBULOKINASE); ATP binding / phosphoribulokinase/ protein binding	-0,600
Sb03g042150	emb1879 (embryo defective 1879)	-0,601
Sb04g023940	Oxygen evolving enhancer 3 (PsbQ) family protein	-0,601
Sb03g035235	CURVATURE THYLAKOID protein	-0,606
Sb03g001750	DJ1B (AT1G53280) Class I glutamine amidotransferase-like sInduzidoerfamily protein	-0,608
Sb06g018690	Chaperone protein dnaJ-related	-0,624
Sb09g021710	NC domain-containing protein	-0,626
Sb07g025200	TraB protein-related	-0,627
Sb04g020680	CSR1 (CHLORSULFURON/IMIDAZOLINONE RESISTANT 1); acetolactate synthase	-0,627
Sb01g034390	PDK (PYRUVATE DEHYDROGENASE KINASE)	-0,629
Sb04g038640	SULA; binding / catalytic/ coenzyme binding	-0,635
Sb04g026940	NIT4 (NITRILASE 4); 3-cyanoalanine hydratase	-0,640
Sb03g003230	NADP-ME4 (NADP-malic enzyme 4); malate dehydrogenase (oxaloacetate-decarboxylating)	-0,640
Sb02g041670	NTRC (NADPH-DEPENDENT THIOREDOXIN REDUCTASE C); thioredoxin-disulfide reductase	-0,645
Sb03g010450	Unknown protein	-0,645
Sb07g005180	ML1 (MERISTEM LAYER 1); DNA binding / sequence-specific DNA binding	-0,650
Sb01g010220	Putative NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 1, mitochondrial	-0,654
Sb06g017800	ATFRO7 (FERRIC REDUCTION OXIDASE 7); ferric-chelate reductase/ oxidoreductase	-0,656
Sb04g008910	Chalcone-flavanone isomerase-related	-0,657
Sb10g003930	GDSL-motif lipase/hydrolase family protein	-0,662
Sb04g034130	LHCA5; pigment binding	-0,663
Sb03g006620	Leucine-rich repeat protein-related	-0,663

Sb04g024890	Rhodanese-like domain-containing protein 11, chloroplastic	-0,665
Sb03g013070	Pectinacylesterase, putative	-0,670
Sb03g028080	PGM (PHOSPHOGLUCOMUTASE); phosphoglucomutase	-0,672
Sb03g005150	GLP5 (GERMIN-LIKE PROTEIN 5); manganese ion binding / nutrient reservoir	-0,672
Sb01g006250	Pentatricopeptide repeat-containing protein	-0,676
Sb07g027180	Chaperone protein dnaJ-related	-0,689
Sb03g043120	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein	-0,692
Sb01g039550	Dof-type zinc finger domain-containing protein	-0,696
Sb09g022310	P5CS1 (DELTA1-PYRROLINE-5-CARBOXYLATE SYNTHASE 1)	-0,700
Sb03g041670	Nitroreductase family protein	-0,703
Sb03g036090	PSBW (PHOTOSYSTEM II REACTION CENTER W)	-0,705
Sb03g008330	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase cyclophilin-type family protein	-0,712
Sb05g027870	RCA (RUBISCO ACTIVASE); ADP binding / ATP binding / enzyme regulator	-0,714
Sb01g042720	Putative 1,3-beta-glucanosyltransferase gel3	-0,717
Sb10g007530	F-box family protein	-0,719
Sb02g037310	FLA13 (FASCICLIN-LIKE ARABINOGALACTAN PROTEIN 13 PRECURSOR)	-0,727
Sb01g006620	Putative plasma membrane fusion protein	-0,730
Sb03g004730	PSBX (photosystem II subunit X)	-0,731
Sb02g038680	PTR2 (PEPTIDE TRANSPORTER 2); dipeptide transporter	-0,732
Sb03g043850	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein	-0,733
Sb07g000980	AMK2 (Adenosine monophosphate kinase); ATP binding / adenylate kinase	-0,739
Sb01g036970	SIP2;1; transporter/putative aquaporin SIP2-1	-0,742
Sb03g035850	Polyphenol oxidase	-0,745
Sb02g027900	PSAG (PHOTOSYSTEM I SUBUNIT G)	-0,746
Sb01g018460	D111/G-patch domain-containing protein	-0,751

Sb06g022700	WAK5 (WALL ASSOCIATED KINASE 5); kinase/ protein serine/threonine kinase	-0,755
Sb02g040000	DPE1 (DISPROPORTIONATING ENZYME); 4-alpha-glucanotransferase/ catalytic/ cation binding	-0,757
Sb09g018750	Catalytic/ cation binding / hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds	-0,759
Sb05g020390	Ribosomal protein S7	-0,760
Sb02g032390	Putative E3 ubiquitin-protein ligase RF298 isoform X1 / zinc ion binding	-0,763
Sb02g042680	PSBX (photosystem II subunit X)	-0,772
Sb07g021260	LHCA4 (LIGHT-HARVESTING CHLOROPHYLL-PROTEIN COMPLEX I SUBUNIT A4)	-0,783
Sb03g030470	PfkB-type carbohydrate kinase family protein	-0,785
Sb07g028740	OPT1 (OLIGOPEPTIDE TRANSPORTER 1); oligopeptide transporter	-0,789
Sb02g029370	Putative transmembrane protein	-0,789
Sb01g011620	Acid phosphatase/ oxidoreductase/ transition metal ion binding	-0,796
Sb04g035010	RecQI3; ATP binding / ATP-dependent helicase/ helicase/ nucleic acid binding	-0,804
Sb03g002650	Thioredoxin-related transmembrane protein 2	-0,805
Sb03g033440	Subtilase family protein	-0,806
Sb05g008630	ATP-dependent protease La (LON) domain-containing protein	-0,807
Sb02g039030	emb1427 (embryo defective 1427); tubulin binding	-0,817
Sb02g029730	Serine/threonine protein kinase, putative	-0,818
Sb03g034970	Probable aldo-keto reductase 1	-0,824
Sb01g031790	LBD37 (LOB DOMAIN-CONTAINING PROTEIN 37)	-0,835
Sb01g000446	Putative Pentatricopeptide repeat-containing protein/DUF1499 family protein	-0,836
Sb05g025080	SEP1 (STRESS ENHANCED PROTEIN 1); chlorophyll binding	-0,839
Sb01g046630	MCA1 (mid1-complementing activity 1)	-0,846
Sb06g000260	CYP93D1; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding	-0,862
Sb04g010240	Aminotransferase class IV family protein	-0,864

Sb07g027230	Unknown protein		-0,866
Sb10g000690	uncharacterized membrane protein Yjcl (LOC4339871)		-0,869
Sb01g044830	HEMD; uroporphyrinogen-III synthase		-0,876
Sb01g014130	IAA16; transcription factor		-0,882
Sb04g005810	Protein kinase family protein		-0,891
Sb01g012240	PK: pyruvate kinase		-0,896
Sb10g008380	ROP10 (RHO-RELATED PROTEIN FROM PLANTS 10); GTP binding / GTPase		-0,897
Sb01g048240	Polynucleotide adenylyltransferase family protein		-0,908
Sb02g039250	(S)-2-hydroxy-acid oxidase, peroxisomal, putative / glycolate oxidase, putative	-1,340	-0,918
Sb05g007070	LHCB5 (LIGHT HARVESTING COMPLEX OF PHOTOSYSTEM II 5); chlorophyll binding		-0,930
Sb10g029245	Unknown protein		-0,930
Sb01g038030	SAG20 (SENESCENCE ASSOCIATED GENE 20)		-0,978
Sb01g031380	Enzyme inhibitor/ pectinesterase/ pectinesterase inhibitor		-0,981
Sb03g043280	PROT1 (PROLINE TRANSPORTER 1)		-0,991
Sb09g023580	Mucin-5AC		-1,021
Sb04g001880	Calcium-binding protein, putative		-1,021
Sb02g029860	Trigger factor chaperone		-1,022
Sb03g032310	NRT2.5 (nitrate transporter2.5); nitrate transmembrane transporter		-1,022
Sb06g020740	Protein STAY-GREEN LIKE, chloroplastic		-1,023
Sb01g050320	Myb-like HTH transcriptional regulator family protein		-1,025
Sb01g043710	Adenylylsulfate kinase, putative		-1,029
Sb06g028730	AP2/B3-like transcriptional factor family protein/B3 domain-containing protein		-1,033
Sb07g021390	CAAX amino terminal protease family protein		-1,053
Sb01g007420	CYP81D5; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding		-1,059
Sb02g024780	SIP3 (SOS3-INTERACTING PROTEIN 3); ATP binding / kinase/ protein kinase		-1,072

Sb02g035560	CRK10 (CYSTEINE-RICH RLK10); ATP binding / kinase		-1,077
Sb09g022210	Guanylyl cyclase-related (GC1)		-1,082
Sb07g002080	ATP binding / DNA binding / DNA-directed DNA polymerase		-1,096
Sb04g031000	Pentatricopeptide (PPR) repeat-containing protein		-1,108
Sb02g042160	ATIPT9; ATP binding / tRNA isopentenyltransferase		-1,118
Sb01g037900	Pectinesterase family protein		-1,134
Sb03g002580	Probable serine/threonine-protein kinase DDB		-1,143
Sb03g045670	Sulfotransferase family protein		-1,151
Sb10g000520	Scarecrow-like transcription factor 6 (SCL6)		-1,160
Sb02g021040	Integral membrane family protein		-1,162
Sb06g026490	Histone H4		-1,165
Sb10g026450	BZIP9 (BASIC LEUCINE ZIPPER 9); DNA binding	-2,560	-1,188
Sb1058s002010	23.5 kDa mitochondrial small heat shock protein (HSP23.5-M)		-1,190
Sb01g021920	Chitinase 2 precursor		-1,201
Sb05g026090	Senescence-associated family protein		-1,230
Sb01g002240	Serine-rich adhesin for platelets-like [-1,230
Sb03g020200	NAD(P)H-quinone oxidoreductase subunit K, chloroplastic		-1,235
Sb05g002710	UGT75B1 (UDP-GLUCOSYLTRANSFERASE 75B1)		-1,261
Sb05g022280	DUF594 family protein		-1,294
Sb02g041770	PIP5K4 (PHOSPHATIDYL INOSITOL MONOPHOSPHATE 5 KINASE 4)		-1,304
Sb02g026050	Transmembrane protein 45B-like		-1,310
Sb02g030340	CBF4 (C- REPEAT-BINDING FACTOR 4); DNA binding		-1,351
Sb09g003680	SOX (SULFITE OXIDASE); sulfite oxidase		-1,426
Sb05g025640	Leucine-rich repeat family protein		-1,444
Sb04g031560	ATL8; protein binding / zinc ion binding		-1,449
Sb03g026870	F-box/FBD/LRR protein		-1,456
Sb01g010700	Protein FAF-like, chloroplastic		-1,463
Sb06g012950	NPQ1 (NON-PHOTOCHEMICAL QUENCHING 1); violaxanthin de-epoxidase		-1,458

Sb06g021800	DIE2/ALG10 family/Dol-P-Glc:Glc(2)Man(9)GlcNAc(2)-PP-Dol alpha-1,2-glucosyltransferase			-1,539
Sb02g040480	MYB86 (MYB DOMAIN PROTEIN 86); specific transcriptional repressor/transcription repressor			-1,620
Sb03g005980	Short-chain dehydrogenase/reductase (SDR) family protein			-1,634
Sb10g009710	Putative lysine-specific demethylase JMJ16			-1,735
Sb09g024770	CNGC4 (CYCLIC NUCLEOTIDE-GATED CATION CHANNEL 4); calmodulin binding			-1,880
Sb09g020420	HEX03 (BETA-HEXOSAMINIDASE 3); beta-N-acetylhexosaminidase/hexosaminidase			-1,880
Sb03g040110	InduzidoF0503 protein At3g09070, chloroplastic			-2,697
Sb06g016770	CSLB04; cellulose synthase/ transferase/ transferase, transferring glycosyl groInduzidos			Reprimido
Sb01g036530	emp24/gp25L/p24 family/GOLD family protein			Reprimido
Sb01g042210	Calcium uniporter protein 2, mitochondrial			Reprimido
Sb03g030330	RL6 (RAD-LIKE 6); transcription factor			Reprimido
Sb04g007050	Kelch repeat-containing F-box family protein			Reprimido
Sb04g034190	ABF2 (ABSCISIC ACID RESPONSIVE ELEMENTS-BINDING FACTOR 2); DNA binding	-1,050		
Sb09g004595	Unknown protein			Reprimido
Sb10g006790	Putative transmembrane protein			Induzido
Sb07g006896	Unknown protein	Induzido		Induzido
Sb07g023290	Vegetative cell wall protein gp1-like	Induzido		
Sb06g028490	APO1 (ACCUMULATION OF PHOTOSYSTEM ONE 1)	2,751	0,999	
Sb06g028490.1	APO1 (ACCUMULATION OF PHOTOSYSTEM ONE 1)	-1,472		1,288
Sb07g005130	TPS21 (TERPENE SYNTHASE 21); (-)-E-beta-caryophyllene synthase/alpha-humulene synthase	1,852		-1,055
Sb09g026910	NAP1;2 (NUCLEOSOME ASSEMBLY PROTEIN 1;2); DNA binding / binding	1,713	1,767	0,979
Sb09g021850	Zinc finger (C2H2 type) protein (WIP4)	1,690	-2,885	1,022
Sb02g007750	Jacalin lectin family protein	1,626	Reprimido	0,979

Sb06g000656	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein	1,521		
Sb03g007850	Sarcoplasmic reticulum histidine-rich calcium-binding protein	1,520		
Sb03g007850.1	Sarcoplasmic reticulum histidine-rich calcium-binding protein	-1,904		1,027
Sb07g000500	CYP71A21; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase	1,484	-3,716	-2,818
Sb08g007610	BGLU16 (BETA GLUCOSIDASE 16); catalytic/ cation binding	1,480		
Sb10g001940	PR1 (PATHOGENESIS-RELATED GENE 1)	1,473	Reprimido	
Sb09g002870	Snurportin-1	1,435		
Sb09g002870.1	Snurportin-1	-0,912		0,740
Sb02g022090	Protein phosphatase 2C, putative / PP2C, putative	1,330		1,443
Sb06g028210	GA2 (GA REQUIRING 2); ent-kaurene synthase	1,403	-4,410	
Sb03g047540	PWWP domain-containing protein	1,373	-1,654	
Sb07g021840	Hyphally-regulated protein-like	1,368	-2,818	
Sb09g016150	DREB2A; DNA binding / transcription activator/ transcription factor	1,362		
Sb09g016150.1	DREB2A; DNA binding / transcription activator/ transcription factor	-1,153		0,731
Sb02g005380	CLA1 (CLOROPLASTOS ALTERADOS 1); 1-deoxy-D-xylulose-5-phosphate synthase	1,332		1,035
Sb01g045030	Senescence-associated protein-related		1,711	1,970
Sb01g039890	Protein phosphatase 2C, putative / PP2C, putative	-1,322	-3,452	2,452
Sb02g011210	Dehydrololichyl diphosphate synthase, putative / DEDOL-PP synthase, putative	1,296	-2,034	
Sb10g008730	JMT (JASMONIC ACID CARBOXYL METHYLTRANSFERASE); jasmonate O-methyltransferase	1,296	-2,816	
Sb09g024950	Jacalin lectin family protein	1,243	-1,559	0,631
Sb02g024130	VIT1 (vacuolar iron transporter 1); iron ion transmembrane transporter	1,232	-3,013	
Sb02g036650	CYP51G1 (CYTOCHROME P450 51G1); oxygen binding / sterol 14-demethylase	1,189	-3,642	1,150
Sb10g022470	CYP79B2; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding	1,165	-3,834	0,715
Sb05g026990	PLP4 (PATATIN-LIKE PROTEIN 4); nutrient reservoir	1,150	-4,438	

Sb04g001810	TPS14 (TERPENE SYNTHASE 14); S-linalool synthase	1,132	-3,567	
Sb04g001810.1	TPS14 (TERPENE SYNTHASE 14); S-linalool synthase	-4,390		
Sb09g030330	BCS1 (CYTOCHROME BC1 SYNTHESIS); ATP binding / ATPase/ nucleoside-triphosphatase	1,069	-1,305	0,671
Sb01g011030	LOX1; lipoxygenase	1,048	-4,462	-1,282
Sb04g007800	Vacuolar ATP synthase subunit B, putative	1,039		
Sb09g022700	Unknown protein	1,030	-2,671	0,666
Sb10g022440	L-ascorbate oxidase, putative	1,007	-2,870	
Sb09g022060	Myb family transcription factor	-1,023	0,822	
Sb01g011050	LOX5; electron carrier/ iron ion binding / lipoxygenase/ metal ion binding / oxidoreductase	-0,996	-3,340	
Sb03g039880	Protease inhibitor/seed storage/lipid transfer protein (LTP) family protein	0,990	-1,401	
Sb07g003070	NDB2 (NAD(P)H dehydrogenase B2); FAD binding / disulfide oxidoreductase/ oxidoreductase	0,976	-1,291	
Sb03g033190	MKK6 (MAP KINASE KINASE 6); MAP kinase kinase/ kinase		-1,691	1,450
Sb07g015410	Late embryogenesis abundant protein, putative / LEA protein, putative	0,973	-3,303	0,653
Sb05g024380	PLA2A (PHOSPHOLIPASE A 2A); lipase/ nutrient reservoir	0,966	-3,747	0,622
Sb03g028740	MPK20; MAP kinase	-0,749		0,876
Sb07g020090	AP2 domain-containing transcription factor, putative	-1,234	-0,741	
Sb06g000653	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein	0,963	-3,875	
Sb09g030780	LBD40 (LOB DOMAIN-CONTAINING PROTEIN 40)	0,958	-1,910	
Sb01g039850	Fringe-related protein	0,955	-1,652	
Sb08g007690	Signal transducer/transcription protein, putative (DUF1685)	0,954	-1,380	
Sb03g039630	Protein phosphatase 2C, putative / PP2C, putative	-0,951	-1,207	0,547
Sb10g025880	GER2; binding / catalytic/ coenzyme binding	0,947	-2,816	0,616
Sb06g020380	PMSR2 (PEPTIDEMETHIONINE SULFOXIDE REDUCTASE 2); oxidoreductase	0,946	-3,519	0,552
Sb03g013420	Beta-fructofuranosidase, putative / invertase, putative / saccharase, putative	0,942	-1,816	0,781
Sb06g000790	Sulfur-rich/thionin-like protein	0,931		

Sb01g049040	PPL1 (PsbP-like protein 1); calcium ion binding	0,930		-0,850
Sb02g035610	Oxygen-evolving enhancer protein 3, chloroplast, putative (PSBQ1) (PSBQ)	0,930		-0,861
Sb07g020070	Putative senescence-associated protein-related		0,935	-1,020
Sb06g020640	G6PD6 (GLUCOSE-6-PHOSPHATE DEHYDROGENASE 6); glucose-6-phosphate dehydrogenase	0,929	-1,407	1,307
Sb03g043650	Protein YLS7-like	0,921		-1,403
Sb03g043650.1	Protein YLS7-like			0,644
Sb09g001420	Lipase class 3 family protein	0,917		0,619
Sb01g008570	Basic helix-loop-helix (bHLH) family protein	0,907	-2,531	
Sb02g003520	Aminotransferase-related	0,888	-1,628	0,747
Sb05g008570	APY1 (APYRASE 1); ATPase/ calmodulin binding / nucleotide diphosphatase	0,885	-2,505	
Sb09g001010	Protease inhibitor, putative	0,881	-4,431	0,548
Sb05g024390	PLP4 (PATATIN-LIKE PROTEIN 4); nutrient reservoir	0,876	-3,880	
Sb01g038520	Oxidoreductase, 2OG-Fe(II) oxygenase family protein	0,874	-2,280	0,618
Sb08g018780	TT7: Flavonoid 3'-monooxygenase/ oxygen binding; CYP75B1	-0,873	-2,042	0,585
Sb03g042440	LOX1; lipoxygenase	-0,869	-4,365	0,693
Sb09g022410	Protein phosphatase 2C, putative / PP2C, putative	0,862	-3,458	0,583
Sb07g022250	RbohE Respiratory burst oxidase protein E / NADPH oxidase		-3,323	1,007
Sb03g039820	P5CS2 (DELTA 1-PYRROLINE-5-CARBOXYLATE SYNTHASE 2); oxidoreductase	-0,855	-1,409	0,643
Sb01g010270	GSR2; copper ion binding / glutamate-ammonia ligase/glutamine synthetase	0,855	-2,502	
Sb01g034730	Flavonoid 3'-monooxygenase/ oxygen binding; CYP75B1	-0,855	-1,464	
Sb02g025320	GLR2.7; Glutamate receptor 2.7 precursor	0,848	-1,421	
Sb01g010500	ARPN (PLANTACYANIN); copper ion binding / electron carrier	0,845	-2,246	0,625
Sb3219s002010	HCHIB (BASIC CHITINASE); chitinase	0,838	-2,934	0,594
Sb08g023000	PAP12 (PURPLE ACID PHOSPHATASE 12); threonine phosphatase	0,837	-1,968	
Sb02g025680	emb1187 (embryo defective 1187); Choline/ethanolamine kinase	0,833	-0,823	

Sb09g029900	AAA-type ATPase family protein	0,829	-1,992	0,555
Sb04g004370	Putative galactosyltransferase family protein	0,829	-1,596	0,651
Sb03g038160	C4H (CINNAMATE-4-HYDROXYLASE); trans-cinnamate 4-monooxygenase/ CYP73A	0,827	-2,793	0,645
Sb06g000780	Cysteine proteinase, putative	0,826	-3,256	
Sb06g020970	Ribosome recycling factor family protein / ribosome releasing factor family protein	0,810	-1,335	0,605
Sb03g021040	SMO1-1 (STEROL-4ALPHA-METHYL OXIDASE 1-1)	0,808	-2,477	
Sb10g022190	MRP6; ATPase, coupled to transmembrane movement of substances	0,807	-1,780	0,668
Sb06g027520	APX4 (ASCORBATE PEROXIDASE 4); heme binding / peroxidase	-0,580		0,617
Sb10g027660	Wound-responsive family protein	0,805	-1,324	0,921
Sb01g042380	Alpha,alpha-trehalose-phosphate synthase [UDP-forming] 6			1,230
Sb08g018720	Osmotin-like protein, putative	0,803	-3,589	0,604
Sb02g038810	EGG APPARATUS-1 protein	0,802	-2,049	
Sb01g036270	Ribosome biogenesis protein BMS1 homolog	0,801	-0,839	0,662
Sb07g006090	ELI3-2 (ELICITOR-ACTIVATED GENE 3-2); aryl-alcohol dehydrogenase	0,798	-2,776	
Sb03g005490	Glycine-rich cell wall structural protein precursor	0,794	-2,877	0,718
Sb03g005490	Glycine-rich cell wall structural protein precursor	-2,877	-2,877	0,607
Sb01g042270	AOS (ALLENE OXIDE SYNTHASE); allene oxide synthase/ hydro-lyase/ oxygen binding	0,783	-3,233	
Sb01g044630	Classical arabinogalactan protein 9-like	0,781	-1,295	
Sb05g020380	RBOHD (RESPIRATORY BURST OXIDASE HOMOLOGUE D); NAD(P)H oxidase	-1,780		2,923
Sb09g026860	HAB1 (HOMOLOGY TO ABI1); catalytic/ protein serine/threonine phosphatase	0,780	-1,973	
Sb07g024090	CLH1 (CORONATINE-INDUCED PROTEIN 1); chlorophyllase	0,779	-1,633	0,612
Sb09g025710	LBD41 (LOB DOMAIN-CONTAINING PROTEIN 41)	0,775	-1,330	0,534
Sb08g007150	GDSL-motif lipase/hydrolase family protein	0,774	-1,072	0,660
Sb02g003530	Nicotianamine aminotransferase A	0,768	-2,422	0,582
Sb06g014550	SRG1 (SENESCENCE-RELATED GENE 1); oxidoreductase	0,757	-0,881	

Sb04g023530	UGT85A1; UDP-glycosyltransferase/ cis-zeatin O-beta-D-glucosyltransferase	0,757	-0,829	0,638
Sb03g036170	Jacalin lectin family protein	0,747	-1,714	
Sb03g032950	Choline kinase, putative	0,747	-1,369	
Sb03g003550	2-oxoglutarate-dependent dioxygenase, putative	0,747	-1,279	0,649
Sb03g012550	MYB12 (MYB DOMAIN PROTEIN 12); DNA binding / transcription activator/ transcription factor	0,742	-1,306	
Sb06g021980	Aldo/keto reductase family protein	0,727	-1,394	
Sb01g030560	DMR6 (ReprimidoY MILDEW RESISTANT 6); oxidoreductase	0,723	-1,722	
Sb02g034370	APR3 (APS REDUCTASE 3); adenylyl-sulfate reductase	0,713	-0,969	0,613
Sb09g025540	O-methyltransferase family 2 protein	0,692	-1,576	
Sb03g038470	Amino acid transporter family protein	0,691	-1,450	
Sb04g022350	Beta-fructofuranosidase, putative / invertase, putative / saccharase, putative	0,689	-1,074	
Sb04g001680	Ubiquitin-conjugating enzyme, putative	0,683	-1,295	
Sb04g001680.1	Ubiquitin-conjugating enzyme, putative	-1,883		0,621
Sb07g004190	Basic helix-loop-helix (bHLH) family protein	0,682	-2,370	
Sb04g009350	Unknown protein	0,673	-1,278	
Sb03g009270	NADP-dependent oxidoreductase, putative	0,673	-1,000	0,606
Sb07g020100	Trehalose-6-phosphate phosphatase, putative	0,664	-1,609	
Sb03g008760	Isoflavone reductase, putative	0,664	-1,288	
Sb03g009860	Late embryogenesis abundant protein Lea5	0,663	-1,248	0,710
Sb01g017910	Calcium uniporter protein 2, mitochondrial	0,657	-1,685	0,596
Sb03g036980	Probable nucleoredoxin 2	0,654	-2,326	
Sb06g028970	PAO2 (Polyamine oxidase 2); amine oxidase/ electron carrier/ oxidoreductase	0,652	-1,331	
Sb09g029580	Auxilin-like protein 1/DNA J	0,651	-1,056	
Sb04g009900	AAA-type ATPase family protein / ankyrin repeat family protein	0,651	-1,209	
Sb01g013910	Organic cation/carnitine transporter 7	0,642	-1,304	
Sb03g037170	Polyadenylate-binding protein 1-B-binding protein	0,636	-0,739	0,599

Sb01g018480	Secretory protein, putative	0,627	-2,564	
Sb09g004650	RCI3 (RARE COLD INDUCIBLE GENE 3); peroxidase	0,624	-0,873	
Sb02g010510	SCPL19; serine-type carboxypeptidase/ sinapoyltransferase	0,623	-1,320	
Sb02g009410	CYP71B2 (CYTOCHROME P450 71B2); electron carrier/ heme binding / iron ion binding	0,622	-0,825	0,693
Sb08g022450	OSM34 (osmotin 34)	0,618	-1,654	
Sb03g032280	FPS1 (FARNESYL DIPHOSPHATE SYNTHASE 1); dimethylallyltransferase	0,617	-1,204	
Sb01g002990	Proton-dependent oligopeptide transport (POT) family protein	0,608	-0,956	
Sb01g036680	MYR1 (MYb-related protein 1); transcription factor	0,595	-0,772	
Sb01g033590	DAPH; 2-dehydro-3-deoxyphosphoheptonate aldolase, putative	0,575	-1,027	
Sb01g004130	SIP2 (seed imbibition 2); hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds	0,572	-0,760	
Sb08g005210	Glycine cleavage system H protein, mitochondrial/glycine dehydrogenase	-0,578		-0,691
Sb05g004590	Fructose-bisphosphate aldolase, putative	-0,579		-0,609
Sb02g030550	Rhodanese-like domain-containing protein	-0,579		-0,610
Sb02g037370	Homogentisate solanesyltransferase	-0,579		-0,665
Sb09g001120	Chaperone protein DnaJ	-0,583		-0,564
Sb02g034760	26.5 kDa class P-related heat shock protein (HSP26.5-P)	-0,587		-0,721
Sb01g046410	SULTR3;1 (SULFATE TRANSPORTER 3;1); secondary active sulfate transmembrane transporter	-0,588		-0,671
Sb09g000560	Phosphoribulokinase/uridine kinase-related	-0,591		-0,564
Sb03g005030	Probable protein phosphatase 2C	-0,603		-0,728
Sb03g039970	LAC7 (laccase 7); laccase	-0,606		-0,732
Sb09g022620	Riboflavin biosynthesis protein, putative	-0,609	0,728	-0,756
Sb01g002430	CRT1 (CALRETICULIN 1); calcium ion binding / unfolded protein binding	-0,610		1,193
Sb08g005500	CRB (CHLOROPLAST RNA BINDING); binding / catalytic/ coenzyme binding	-0,612		-0,750
Sb02g039970	Amine oxidase family protein	-0,613	0,719	-0,743
Sb02g035600	BAM5 (BETA-AMYLASE 5); beta-amylase	-0,617		-0,681

Sb07g028880	NAD(P)H-quinone oxidoreductase subunit S, chloroplastic	-0,617		-0,584
Sb02g024470	CRR23 (chlororespiratory reduction 23)	-0,617		-0,697
Sb10g009480	Zinc finger (B-box type) family protein	-0,620		-0,963
Sb01g006420	DNAJ heat shock N-terminal domain-containing protein	-0,623		-0,664
Sb02g031870	Cytokinin riboside 5'-monophosphate phosphoribohydrolase	-0,629		-0,774
Sb06g016450	Plastid-lipid associated protein PAP / fibrillin family protein	-0,629		-0,635
Sb03g040690	Unknown protein	-0,632		-0,641
Sb04g003110	NAMT1; S-adenosylmethionine-dependent methyltransferase	-0,633		-0,649
Sb03g033810	UDP-glucuronosyl/UDP-glucosyl transferase family protein	-0,643		-0,691
Sb02g006430	CSP41A (CHLOROPLAST STEM-LOOP BINDING PROTEIN OF 41 KDA); mRNA binding	-0,644		-0,803
Sb03g046345	protein RETICULATA-RELATED 4, chloroplastic-like	-0,645		-0,607
Sb08g001890	Zep; zeaxanthin epoxidase isoform	-0,651		-0,563
Sb09g004970	GER3 (GERMIN 3); oxalate oxidase	-0,652	0,766	-0,737
Sb06g014880	Pollen-specific leucine-rich repeat extensin-like protein 1	-0,661		-0,776
Sb02g043980	FAD8 (FATTY ACID DESATURASE 8); omega-3 fatty acid desaturase	-0,664		-0,933
Sb08g005300	PSAN; calmodulin binding	0,668		-0,714
Sb01g008400	Putative orotidine 5'-phosphate decarboxylase	-0,674		-0,753
Sb07g019320	CYP38 (cyclophilin 38); peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	-0,675		-0,825
Sb06g032690	LHCB6 (LIGHT HARVESTING COMPLEX PSII SUBUNIT 6); chlorophyll binding	0,676		-0,797
Sb01g047790	Translation initiation factor	-0,678		-0,622
Sb05g018990	ACP4 (acyl carrier protein 4); acyl carrier	-0,680		-0,705
Sb02g032815	PSI-P (PHOTOSYSTEM I P SUBUNIT); DNA binding	0,680		-0,730
Sb09g001320	Putative metallothionein famil protein	-0,689		-0,802
Sb04g021810	CWINV2 (cell wall invertase 2); hydrolase, hydrolyzing O-glycosyl compounds	-0,694	0,698	-0,793
Sb06g021540	Adenosylmethionine decarboxylase family protein	-0,695		-0,718
Sb08g019720	Myb family transcription factor	-0,697		-0,745
Sb06g032460	PAO4 (POLYAMINE OXIDASE 4); amine oxidase/ polyamine oxidase	-0,698	-0,896	-0,799

Sb03g027040	LHCB1; chlorophyll binding	0,700		-0,755
Sb06g030160	HEMA1; glutamyl-tRNA reductase	-0,707		-0,795
Sb01g002780	Putative thylakoid soluble phosphoprotein TSP9 protein	-0,713		-0,938
Sb03g029180	Carbonic anhydrase, putative / carbonate dehydratase, putative	-0,721		-0,810
Sb01g010490	IST1-like protein/ Regulator of Vps4 activity in the MVB pathway protein	-0,725		-0,746
Sb10g028360	GDSL-lipase	-0,725		-0,970
Sb09g002580	Bundle-sheath defective protein 2 family / bsd2 family	-0,727		-0,693
Sb06g027620	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein	-0,728		-0,871
Sb10g019360	DELTA-TIP; ammonia transporter/ methylammonium transmembrane transporter	-0,730		-0,773
Sb06g029740	ATP binding / protein kinase/ protein serine/	-0,733		-0,587
Sb07g000620	FED A; 2 2Fe-2S ferredoxin-like	-0,733	0,688	-0,837
Sb05g022620	Subtilase family protein	-0,734		-0,659
Sb04g026900	SCPL34; serine-type carboxypeptidase	-0,734		-0,983
Sb08g020580	Auxin-responsive protein IAA30-like	-0,740		-0,812
Sb01g008810	Putative alcohol dehydrogenase 1 (adh1A) gene	-0,749		-0,783
Sb10g005260	GUS1 (glucuronidase 1); beta-glucuronidase	-0,759		-0,811
Sb02g005350	Transferring glycosyl groInduzido transferase	-0,760		-0,951
Sb06g014890	Pollen-specific leucine-rich repeat extensin-like protein 1	-0,760		-0,711
Sb01g044290	MIPS2 (MYO-INOSITOL-1-PHOSTPATE SYNTHASE 2)	-0,763		-0,731
Sb07g000310	GCN5-related N-acetyltransferase (GNAT) family protein	-0,768	0,762	
Sb08g023120	LOX5; electron carrier/ iron ion binding / lipoxygenase/ metal ion binding / oxidoreductase	-0,769		-0,659
Sb05g020230	Naringenin-chalcone synthase	-0,775		-0,838
Sb05g027230	WAK4 (wall associated kinase 4); ATP binding / calcium ion binding	-0,777	0,725	-1,202
Sb03g001870	GDSL-motif lipase/hydrolase family protein	-0,788		-0,678
Sb02g002960	PSAK (photosystem I subunit K)	0,791		-0,945
Sb05g018810	BRO1 domain-containing protein BROX	-0,792		-0,655
Sb05g020150	Naringenin-chalcone synthase	-0,802	0,650	-1,078
Sb06g016090	PSAO (photosystem I subunit O)	0,802		-0,906

Sb04g029100	CaS (Calcium sensing receptor)	-0,803		-1,015
Sb02g030020	UGT74F2 (UDP-GLUCOSYLTRANSFERASE 74F2)	-0,806		-1,141
Sb04g007200	ATP synthase subunit beta, chloroplastic	-0,812		-0,862
Sb06g023960	Zinc finger (B-box type) family protein	-0,814	0,919	-0,952
Sb01g029270	EXPB2 (EXPANSIN B2)	-0,815		-1,199
Sb02g030500	UGE1 (UDP-D-glucose/UDP-D-galactose 4-epimerase 1)	-0,821	0,663	-0,698
Sb02g038880	CXE18 (carboxyesterase 18); carboxylesterase	-0,832		-0,697
Sb02g029010	Auxin-responsive family protein	-0,848	0,776	-1,154
Sb02g039433	MSS3 (multicopy sInduzidopressors of snf4 deficiency in yeast 3); calcium ion binding	-0,861	0,780	-0,970
Sb03g020182	Ribulose biphosphate carboxylase large chain	-0,866		-0,772
Sb07g028560	SEC14 cytosolic factor, putative / phosphoglyceride transfer protein, putative	-0,870	0,773	-1,206
Sb02g023760	Anti-muellerian hormone type-2 receptor	-0,873		-0,765
Sb01g040430	PLA2-ALPHA; phospholipase A2	-0,882		-0,725
Sb02g036380	LHCB3 (LIGHT-HARVESTING CHLOROPHYLL B-BINDING PROTEIN 3); structural molecule	0,886	0,665	-1,029
Sb07g024290	FAR1 (FATTY ACID REDUCTASE 1); fatty acyl-CoA reductase (alcohol-forming)/ oxidoreductase	-0,898		-0,839
Sb10g007600	23.5 kDa mitochondrial small heat shock protein (HSP23.5-M)	-0,903		-0,858
Sb06g019740	Unknown protein	-0,908	0,866	-0,710
Sb03g013850	ATP synthase subunit beta, chloroplastic	-0,917		-0,727
Sb04g027700	Glycosyl hydrolase family 3 protein	-0,942		-1,486
Sb06g031530	AAP7; amino acid transmembrane transporter	-0,952		-0,729
Sb10g022580	CGA1 (CYTOKININ-RESPONSIVE GATA FACTOR 1); transcription factor	-0,960	0,681	-1,030
Sb10g022730	S-locus lectin protein kinase family protein	-0,969		-1,204
Sb07g004050	LOL1 (LSD ONE LIKE 1); DNA binding	-0,970	0,659	-1,277
Sb03g029370	Putative tat pathway signal sequence family protein	-0,976		-1,399
Sb02g040800	Zinc knuckle (CCHC-type) family protein	-0,978	-0,873	1,179

Sb09g004610	mtLPD1 (mitochondrial lipoamide dehydrogenase 1); ATP binding	-0,979	1,061	-0,967
Sb10g007590	HSP23.6-MITO (MITOCHONDRION-LOCALIZED SMALL HEAT SHOCK PROTEIN 23.6)	-1,026	-0,794	1,028
Sb03g031940	XPL1 (XIPOTL 1); methyltransferase/ phosphoethanolamine N-methyltransferase	-1,037		-0,791
Sb02g031310	Family II extracellular lipase 3 (EXL3)	-1,046		-1,097
Sb10g001800	Short-chain dehydrogenase/reductase (SDR) family protein	-1,063	1,997	-1,535
Sb03g017620	30S ribosomal protein S2	-1,101		-1,112
Sb05g003480	RBCS1A (RIBULOSE BISPHTHOSPHATE CARBOXYLASE SMALL CHAIN 1A)	-1,102		-1,843
Sb03g046040	ARR9 (RESPONSE REGULATOR 9); transcription regulator/ two-component response regulator	-1,106	0,741	-1,063
Sb04g028930	SAMC1 (S-ADENOSYLMETHIONINE CARRIER 1)	-1,130		-1,316
Sb09g025060	Hypothetical protein (DUF1677)	-1,137	0,773	-0,984
Sb01g024390	Glucan 1,3-beta-glucosidase	-1,137	-0,739	-1,253
Sb01g045060	RAP22; DNA binding / transcription factor	-1,171	0,932	-2,620
Sb04g022780	ARR3 (RESPONSE REGULATOR 3); transcription regulator/ two-component response regulator	-1,231	0,960	-1,141
Sb09g020200	WAT1-related protein At5g07050-like	-1,238		-1,242
Sb10g007725	PDE318 (pigment defective 318); GTP binding	-1,254	1,023	
Sb02g007720	ILR1 (IAA-LEUCINE RESISTANT 1)	-1,256		-1,298
Sb01g049140	RCI3 (RARE COLD INDUCIBLE GENE 3); peroxidase	-1,277	1,360	
Sb05g002590	ARR3 (RESPONSE REGULATOR 3); transcription regulator/ two-component response regulator	-1,278		-2,707
Sb03g045980	GLP5 (GERMIN-LIKE PROTEIN 5); manganese ion binding / nutrient reservoir	-1,281		-1,156
Sb06g032600	ARR6 (RESPONSE REGULATOR 6); transcription regulator/ two-component response regulator	-1,284		-3,054
Sb03g003560	F-box family protein	-1,297	1,061	-1,029
Sb03g027030	LHCB1; chlorophyll binding	1,321	0,797	-2,025
Sb01g030800	GSTU18 (GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 18); glutathione transferase	-1,323		-1,098

Sb02g035200	RP1 (PPDK REGULATORY PROTEIN); phosphoprotein phosphatase/ protein kinase	-1,328		-1,539
Sb02g038470	Hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	-1,331		-1,689
Sb08g001140	ARR9 (RESPONSE REGULATOR 9); transcription regulator/ two- component response regulator	-1,356	1,495	
Sb10g024550	Subtilase family protein	-1,357	0,851	-1,605
Sb06g017550	ARR3 (RESPONSE REGULATOR 3); transcription regulator/ two- component response regulator	-1,369		-1,640
Sb01g008030	Glycosyl hydrolase family 3 protein	-1,421		-1,366
Sb01g008030.1	Glycosyl hydrolase family 3 protein			-2,036
Sb03g029290	GRMZM2G063431_T01 drought-responsive lncRNA, complete sequence	-1,466	1,016	-2,567
Sb01g038150	Abscisic acid receptor PYL4	-1,541		-0,948
Sb02g039360	Protein binding / zinc ion binding	-1,556		-1,161
Sb02g040050	FLP (FOUR LIPS); DNA binding / transcription factor	-1,585		-1,224
Sb02g001140	Peroxidase, putative	-1,684		-1,139
Sb01g018395	Replication protein-related	-1,796	1,340	
Sb10g006270	CAD: Cinnamyl-alcohol dehydrogenase, putative		-1,450	2,521
Sb10g026030	GDU3 (GLUTAMINE DUMPER 3)	-1,864		1,515
Sb07g002415	F-box family protein	-1,911		-1,075
Sb01g029260	EXPB2 (EXPANSIN B2)	-1,940	1,739	-2,403
Sb01g017940	PIP5K9 (PHOSPHATIDYL INOSITOL MONOPHOSPHATE 5 KINASE)	-2,225	-0,914	
Sb04g007080	Unknown protein		Reprimido	Induzido
Sb06g031430	CLAVATA3/ESR (CLE)-related protein 22		Induzido	Reprimido
Sb10g023390	Agenet domain-containing protein		1,335	-1,469
Sb01g010820	Leucine-rich repeat family protein / protein kinase family protein		1,220	-0,781
Sb03g031150	Putative transmembrane protein		1,157	-1,418
Sb06g030490	Protease inhibitor/seed storage/lipid transfer protein (LTP) family protein		1,096	-1,262
Sb01g017520	Invertase/pectin methylesterase inhibitor family protein / DC 1.2 homolog (FL5-2I22)		0,894	-0,991

Sb01g046960	WAT1-related protein	0,881	-0,745
Sb07g005350	Germin-like protein, putative	0,843	-0,977
Sb04g032900	TIP2;3; ammonia transporter/ methylammonium transmembrane transporter/ water channel	0,743	-0,764
Sb02g007730	ILR1 (IAA-LEUCINE RESISTANT 1)	0,661	-0,764
Sb01g007630	UDP-glucuronosyl/UDP-glucosyl transferase family protein	0,640	-0,668
Sb06g026670	Senescence-associated protein-related	-0,895	0,631
Sb10g004682	SUS2 (ABNORMAL SUSPENSOR 2)	-0,905	0,575
Sb01g027540	scpl6 (serine carboxypeptidase-like 6); serine-type carboxypeptidase	-0,918	0,563
Sb02g027330	Peroxidase 17 (PER17) (P17)	-0,947	0,612
Sb06g031350	LOX5; electron carrier/ iron ion binding / lipoxygenase/ metal ion binding / oxidoreductase	-1,212	0,659
Sb06g026686	Senescence-associated protein-related	-1,825	0,699
Sb06g020410	GroInduzido II intron splicing factor CRS1-related	-1,238	0,808
Sb03g030100	Acidic endochitinase (CHIB1)	-1,496	0,785
Sb09g003060	RCI2A (RARE-COLD-INDUCIBLE 2A)	-1,515	0,814
Sb02g005600	AAA-type ATPase family protein	-1,564	1,312
Sb08g001710	MATE efflux family protein	-1,590	0,754
Sb09g001020	Protease inhibitor, putative	-2,088	0,754
Sb02g032370	Phytoene synthase (PSY) / geranylgeranyl-diphosphate geranylgeranyl transferase	-2,627	1,164
Sb03g028700	CYP72A14; electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase	-2,577	0,964
Sb05g000510	MRH1 (morphogenesis of root hair 1); ATP binding / protein binding / protein kinase	-3,089	1,922
Sb03g041900	GA20OX1; gibberellin 20-oxidase	-3,896	0,933
Sb04g033380	HB-7 (HOMEBOX 7); transcription activator/ transcription factor	Reprimido	0,914
Sb10g028640	Protein phosphatase 2C	Reprimido	
Sb10g028640.1	Protein phosphatase 2C	Reprimido	
Sb03g046110	NQR (NADPH:QUINONE OXIDOREDUCTASE); FMN reductase		2,880

Sb03g046110.1 NQR (NADPH:QUINONE OXIDOREDUCTASE); FMN reductase

-2,267

Fonte: elaborado pelo autor.