

**UNIVERSIDADE FEDERAL DE PELOTAS**  
**Programa de Pós-Graduação em Fisiologia Vegetal**



**Dissertação**

**Análise de parâmetros de trocas gasosas e do perfil transcriptômico de  
portaenxertos de *Prunus* spp. submetidos ao estresse hídrico**

**Elsa Kuhn Klumb**

**Pelotas, 2015**

**Elsa Kuhn Klumb**

**Análise de parâmetros de trocas gasosas e do perfil transcriptômico de  
portaenxertos de *Prunus* spp. submetidos ao estresse hídrico**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Fisiologia Vegetal da Universidade Federal de Pelotas, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Fisiologia Vegetal.

Orientador: Prof. Dr. Valmor João Bianchi

Coorientadoras: Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup>. Eugenia Jacira Bolacel Braga

Dr<sup>a</sup>. Letícia Carvalho Benitez

**Pelotas, 2015**

Dados de catalogação na fonte:  
Ubirajara Buddin Cruz - CRB 10/901  
Biblioteca de Ciência & Tecnologia – UFPel

K66a Klumb, Elsa Kuhn  
Análise de parâmetros de trocas gasosas e do perfil transcriptômico de portaenxertos de *Prunus* spp. submetidos ao estresse hídrico / Elsa Kuhn Klumb. – 83f. : il. – Dissertação (Mestrado). Programa de Pós-Graduação em Fisiologia Vegetal. Universidade Federal de Pelotas. Instituto de Biologia. Pelotas, 2015. – Orientador Valmor João Bianchi ; coorientadoras Eugenia Jacira Bolacel Braga, Letícia Carvalho Benitez.

Inclui tabela em anexo no CD-ROM.

1.Fisiologia vegetal. 2.Pessegueiro.. 3.Fatores de transcrição. 4.Fotossíntese. 5.Seca. 6.Alagamento. 7.RNA-Seq.  
I.Bianchi, Valmor João. II.Braga, Eugenia Jacira Bolacel.  
III.Benitez, Letícia Carvalho. IV.Título.

CDD: 634.23

**Banca examinadora:**

Dr. Valmor João Bianchi (presidente)

Dr. Luciano da Silva Pinto

Dr<sup>a</sup>. Caroline Marques Castro

*Aos meus pais, Guerda e Vilmar, e meu irmão, Alberto...*

*Pelo apoio e força fundamentais nesta caminhada.*

*E pelo suporte incondicional que sempre me foi concedido...*

*Com amor,*

*Dedico.*

## **Agradecimentos**

Primeiramente, agradeço a Deus. Por ter me proporcionado a vida, me fazer acreditar Nele... Por me dar saúde e permitir que, hoje, meu coração bata mais tranquilo e na mais pura paz. Por me dar esperança e força para superar batalhas e desafios!

À Universidade Federal de Pelotas, em especial pelo Departamento de Botânica, pela oportunidade em participar do Programa de Pós-Graduação em Fisiologia Vegetal (PPGFV).

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pela concessão da bolsa de estudos.

A todos os professores do curso de Fisiologia Vegetal, pelos conhecimentos transmitidos e adquiridos no meio acadêmico, bem como por enriquecer os já existentes.

Em especial, ao professor e meu orientador Prof. Dr. Valmor João Bianchi, por acreditar e confiar em mim desde a seleção de mestrado, permitir que eu fosse sua orientada, pelos vários conhecimentos que pude adquirir e por todas as oportunidades que só foram possíveis através dele. Pela paciência, dedicação e responsabilidade direta na construção deste trabalho.

À minha coorientadora professora Drª. Eugenia Braga por todos os momentos em que pode me auxiliar nos trabalhos.

À minha coorientadora Drª. Letícia Benítez, pelas ajudas, apoios e transmissão de conhecimentos, tanto em laboratório, quanto na parte teórica e até na vida pessoal, bem como na execução dos trabalhos. Agradeço pela bonita amizade que pode ser construída!

À Letícia Rickes que, desde a primeira recepção no laboratório, já demonstrou ser uma grande amiga e parceira de experimentos. Pelos “perrengues” que passamos, pelos Natais e finais de semana a campo e no laboratório... Mas principalmente pela valiosa amizade que podemos construir!

Aos colegas e amigos Marcelo Amaral e Luis Willian Pacheco, sem os quais, este trabalho nada seria! Pela compreensão, pelo aprendizado em conjunto e por todos os momentos em que tive que incomodá-los sem nunca ouvir uma reclamação (bem pelo contrário)!

À minha amiga que o mestrado proporcionou, Cristina Weiser Ritterbusch! Por todo o carinho, dedicação e atenção de sempre. E por todos os momentos em que era possível contar com suas palavras amigas!

Ao pessoal do laboratório que me recepcionou muito bem, auxiliaram quando puderam e que hoje são amigos incríveis, pelos quais me orgulho de chamar de amigos: Isabel Vighi, Daiane Benemann, Natalia Gomes, Gabriela Moraes, Anderson Feijó, Gabriela Rosa, Manoel Urbano, Priscila Auler, Gabriela Rodrigues, Mara Winhelmann e Maurício Flores.

Aos meus pais, Guerda e Vilmar, meus orgulhos, exemplos para mim, por me conceder a vida, me ensinar o caminho certo... Pela educação e valorosos princípios, os quais regem a minha vida e não me curvo contra! Pelo amor incondicional, por entender a minha distância física em certos momentos, mas que sempre entenderam que meu coração nunca saiu de perto deles. Por me ensinarem a ser uma pessoa simples e sempre ter a humildade me acompanhando na garupa.

Ao meu irmão, o qual tenho a dádiva de chamar de melhor amigo, que foi o meu primeiro professor e me ensinou muitas coisas nessa vida! Por hoje compartilhar uma cumplicidade muito bonita, dividir alegrias, secar minhas lágrimas no momento de aperto e me aguentar todos os dias no nosso apartamento em Pelotas.

Ao meu namorado Charles: pela força incondicional, por acreditar no meu potencial, compreender os momentos em que tinha que me manter distante para poder estudar e trabalhar e por me oferecer o amor e carinho mais bonitos.

Às minhas amigas de sempre, Laura, Priscila, Júlia, Gabriela e Bianca por todas as conversas amigas, pelo companheirismo e por entender quando não pude estar por perto.

E, por fim, a todos aqueles que de alguma maneira contribuíram para que este trabalho fosse executado e concluído.

AGRADEÇO!

*"Aquilo que se faz por amor está sempre acima do bem e do mal..."*

*(Friedrich Nietzsche)*

## Resumo

KLUMB, Elsa Kuhn. **Análise de parâmetros de trocas gasosas e do perfil transcriptômico de portaenxertos de *Prunus* spp. submetidos ao estresse hídrico.** 2015. 83f. Dissertação (Mestrado em Fisiologia Vegetal) – Programa de Pós-Graduação em Fisiologia Vegetal. Universidade Federal de Pelotas. Pelotas, Pelotas, 2015.

O estado do Rio Grande do Sul é o detentor da maior produção de pêssegos do Brasil, entretanto ainda possui valores baixos de produtividade, quando comparado com outros estados. Um dos problemas associados a isto é a ocorrência de solos com problemas de drenagem, principalmente na região de Pelotas, que dependendo do período do ano, podem sofrer situações de déficit hídrico ou de alagamento, prejudicando potencialmente o desenvolvimento e a produtividade da cultura. Dentre os efeitos prejudiciais causados por estes estresses, destacam-se a diminuição na taxa assimilatória líquida, fechamento de estômatos, redução das atividades celulares, produção de espécies reativas de oxigênio e desestabilização de membranas e proteínas. Tais efeitos possuem uma delicada regulação que transcorre ao nível molecular, onde genes e fatores de transcrição (TFs) modulam a expressão gênica diferencial sob condições estressantes. Desta forma, o objetivo deste trabalho foi investigar em que magnitude os parâmetros de trocas gasosas e o perfil transcriptômico de portaenxertos de *Prunus* spp. são influenciados diferencialmente sob estresse por seca e alagamento. O trabalho foi dividido em dois experimentos. No primeiro experimento foram avaliados parâmetros de trocas gasosas em três portaenxertos de *Prunus* spp. ('Capdeboscq', 'Julior' e 'Marianna 2624'), nas condições controle, de déficit hídrico e alagamento do solo durante sete dias. No geral, os três portaenxertos demonstraram ser mais suscetíveis ao alagamento do que ao déficit hídrico, apenas variando no tempo de resposta, o qual é intrínseco a cada genótipo. No segundo experimento objetivou-se obter o perfil transcriptômico e avaliar a expressão de TFs em folhas do portaenxerto de pessegueiro 'Capdeboscq' submetido ao alagamento durante 48 horas, através da técnica de sequenciamento massivo de RNA (RNA-Seq). Desta análise foram identificados 2.971 genes diferencialmente expressos (DEGs), sendo 1.559 *up-regulated* e 1.412 *down-regulated*. Foi possível observar forte efeito sob a fotossíntese, a qual apresentou inúmeros genes *down-regulated*. TFs membros das

famílias bHLH, ERF, NAC, WRKY, HD-Zip, NAC e MYB\_related foram os mais afetados pelo estresse, apresentando regulação tanto *up* quanto *down-regulated*.

**Palavras-chave:** Pessegoiro, fotossíntese, seca, alagamento, RNA-Seq, fatores de transcrição.

## Abstract

KLUMB, Elsa Kuhn. **Gas exchange parameters and transcriptomic profile of *Prunus spp.* rootstock under water stress.** 2015. 83p. Dissertation (master's degree in Plant Physiology) – post graduate program in Plant Physiology. Universidade Federal de Pelotas. Pelotas, 2015.

The State of Rio Grande do Sul is the largest producer of peaches from Brazil. However, it still has low values of productivity when compared to other States. One of the problems associated to it this is the occurrence of drainage soils problems, mainly in Pelotas and its surroundings, which depending on the time of year, it may suffer water shortage situations or flooding, potentially hampering the development and productivity such culture. Among the harmful effects caused by these stresses, the decrease in liquid assimilatory rate, closing of stomata, reduction of cellular activities, production of reactive oxygen species and destabilization of membranes and proteins are included. Such effects have a delicate adjustment that takes place at the molecular level, where genes and transcription factors (TFs) modulate the differential gene expression under stressful conditions. Thus, the aim of this study was to investigate in which magnitude gas exchange parameters and *Prunus spp.* rootstock transcriptomic are differentially influenced under stress by drought and flooding. The study was divided into two experiments. In the first one, gas exchange parameters were evaluated in three *Prunus spp.* rootstock ('Capdeboscq', 'Julior' and 'Marianna 2624') under control conditions of soil water deficit and flooding for seven days. Overall, the three rootstocks have shown to be more susceptible to flooding than water deficit, only varying in response time, which is intrinsic to each genotype. The second one, aimed to obtain the transcriptomic profile and evaluate the TFs expression in peach rootstock leaves 'Capdeboscq' subjected to flooding during 48 hours, through RNA sequencing (RNA-Seq) technique. This analysis identified 2,971 (DEGs) differentially expressed genes, among them 1,559 were up-regulated and 1,412 were down-regulated. It was possible to observe a strong effect on photosynthesis, which presented numerous down-regulated genes. TFS bHLH families members, ERF, NAC, WRKY, HD-Zip, NAC and MYB\_related were the most affected by stress, showing both setting up and down-regulated.

**Keywords:** Peach, photosynthesis, drought, flooding, RNA-Seq, transcription factors.

## Lista de Figuras

### CAPÍTULO 1

- Figura 1.** Temperaturas mínimas e máximas registradas no decorrer do experimento, entre os dias 21 de dezembro (dia 1 de estresse) e dia 27 de dezembro de 2013 (dia 7 de estresse) ..... 32
- Figura 2.** Taxa fotossintética líquida (A) e condutância estomática (gs) de plantas de portaenxertos de pêssego cv. Capdeboscq (A e B) e de ameixeira cv. Julior (C e D) e Marianna 2624 (E e F) submetidas a estresse hídrico (déficit hídrico e alagamento) durante sete dias. As barras indicam o erro padrão da média de três repetições. Médias comparadas dentro de cada dia para uma dada cultivar e seguidas pela mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade (n=3). \*Avaliações das plantas submetidas ao alagamento cessadas após o quarto dia de estresse devido à excessiva abscisão foliar que as mesmas apresentaram durante o período de estresse ..... 34

### CAPÍTULO 2

- Figura 1.** Fluxograma de análise das bibliotecas de RNA-seq ..... 56
- Figura 2.** Visão geral do metabolismo alterado através do software MapMan, para o estresse sob 48 horas por alagamento em *Prunus persica* cultivar Capdeboscq. Nota: cada quadrado representa um transcrito expresso e a intensidade da cor o nível de expressão do mesmo, em cada evento metabólico ou compartimento subcelular..... 59

<b>Figura 3.</b> Classificação ontológica de genes diferencialmente expressos em folhas de pessegueiro ‘Capdeboscq’ ( <i>Prunus persica</i> ) sob 48 horas de estresse por alagamento: A- Processos biológicos, B- Função molecular, C- Componentes celulares .....	61
<b>Figura 4.</b> Representação gráfica de interação dos termos GOs sobrerepresentados para a classe ontológica de processos biológicos. Tamanho dos círculos indica a frequência do termo GO e intensidade da cor indica significância. Nota: A- resultados para os DEGs <i>down-regulated</i> , B - resultados para os DEGs <i>up-regulated</i> .....	62
<b>Figura 5.</b> Representação gráfica de interação dos termos GOs sobrerepresentados para a classe ontológica de componentes celulares. Tamanho dos círculos indica a frequência do termo GO e intensidade da cor indica significância. Nota: A- resultados para os DEGs <i>down-regulated</i> , B - resultados para os DEGs <i>up-regulated</i> ....	63
<b>Figura 6.</b> Detalhamento das alterações no metabolismo da cadeia transportadora de elétrons da fotossíntese em folhas de plantas de <i>Prunus persica</i> cv. Capdeboscq, após 48 horas de estresse por alagamento, por meio do software MapMan .....	65
<b>Figura 7.</b> Sumário dos fatores de transcrição expressos significativa (DEGs) e não significativamente (expressos apenas em uma das condições de controle ou alagamento), por família em folhas de ‘Capdeboscq’ submetidas ao estresse por alagamento durante 48 horas.....	66
<b>Figura 8.</b> Fatores de transcrição diferencialmente expressos em folhas de plantas pessegueiro ‘Capdeboscq’ após 48 horas de estresse por alagamento .....	67

## Lista de Tabelas

### CAPÍTULO 1

<b>Tabela 1.</b> Parâmetros de trocas gasosas de plantas de portaenxertos de pêssego, cultivar Capdeboscq, submetidas a estresse por déficit hídrico e alagamento do solo. Médias comparadas dentro de cada dia e seguidas pela mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey ( $p<0,05$ ) ( $n=3$ ) .....	<b>35</b>
<b>Tabela 2.</b> Parâmetros de trocas gasosas de plantas de portaenxertos de ameixeira, cultivar Julior, submetidas a estresse por déficit hídrico e alagamento do solo. Médias comparadas dentro de cada dia e seguidas pela mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey ( $p<0,05$ ) ( $n=3$ ) .....	<b>37</b>
<b>Tabela 3.</b> Parâmetros de trocas gasosas de plantas de portaenxertos de ameixeira, cultivar Marianna 2624, submetidas a estresse por déficit hídrico e alagamento do solo. Médias comparadas dentro de cada dia e seguidas pela mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey ( $p<0,05$ ) ( $n=3$ ) .....	<b>39</b>

### CAPÍTULO 2

<b>Tabela 1.</b> Resultados de mapeamento de <i>reads</i> para as condições controle e estresse por alagamento da cultivar Capdeboscq ( <i>Prunus persica</i> ). ....	<b>58</b>
---	-----------

## Sumário

Introdução Geral.....	15
Referências Bibliográficas.....	25
<b>Capítulo 1 - Parâmetros de trocas gasosas em diferentes portaenxertos de <i>Prunus spp.</i> submetidos ao estresse por seca e alagamento</b>	
Introdução.....	29
Material e métodos.....	31
Resultados.....	32
Discussão.....	40
Conclusões.....	45
Referências Bibliográficas.....	46
<b>Capítulo 2 - Perfil transcriptômico e expressão diferencial de fatores de transcrição, obtidos por sequenciamento massivo de RNA (RNA-Seq), em folhas de <i>Prunus persica</i> submetidos ao alagamento</b>	
Introdução.....	50
Material e métodos.....	53
Resultados.....	57
Discussão.....	67
Conclusões.....	74
Referências Bibliográficas.....	75
Considerações Finais.....	81
Apêndices .....	82

## INTRODUÇÃO GERAL

### **A cultura do pessegueiro**

O gênero *Prunus*, pertencente à família Rosaceae, subfamília Prunoideae, é composto por espécies de hábito arbóreo ou arbustivo. Quanto às variedades botânicas do pessegueiro, são conhecidas três: i) *vulgaris*, que inclui a maioria das cultivares de valor econômico de pêssego, podendo apresentar polpa branca ou amarela, ser mais ou menos fibroso, servindo para conserva, consumo *in natura* ou dupla finalidade; ii) *nucipersica*, que produz frutas com epiderme glabra e geralmente muito colorida, são as chamadas nectarinas; e iii) *platicarpa*, que produz frutos de forma achatada, sem ponta, conhecidos por pêssegos chatos (ZANETTE & BIASI, 2004).

Além do pessegueiro, fazem parte deste gênero de plantas os damasqueiros, as ameixeiras, cerejeiras e amendoeiras. Devido ao seu sabor e aparência, o pêssego [*Prunus persica* (L.) Batsch] é uma das frutas mais apreciadas no mundo e apresenta um alto valor econômico no âmbito da cadeia produtiva (EMBRAPA, 2005) pois, segundo os dados FAOSTAT [Food and Agriculture Organization of the United Nations Statistics (2015)], a produção mundial de pêssegos e nectarinas no ano de 2012 foi de 210.83.151 toneladas, o que demonstra sua importante e direta participação na economia e mercado mundiais de frutas.

A produção de pêssego no Brasil, em 2013, chegou a valores de 217.706 toneladas, sendo o Rio Grande do Sul o Estado que mais produz, obtendo uma produção de 136.841 toneladas (IBGE, 2015), portanto o seu cultivo no Estado possui importante papel socioeconômico. A presença de pessegueiros no Rio Grande do Sul, nas Regiões da Serra Gaúcha ou na Metade Sul do Estado, já faz parte da paisagem de extensos espaços agrícolas, explorados, predominantemente, por agricultores de base familiar, envolvendo cerca de 1.300 produtores (EMBRAPA, 2008). Desde a década de 20, do século passado, quando as primeiras mudas de pessegueiro foram introduzidas na região de Pelotas, a cultura demonstrou grande adaptabilidade às condições da região e, com o passar dos anos, apoiadas em uma complexa infraestrutura industrial e com a incorporação de novas tecnologias, a expansão da cultura do pêssego para a indústria teve a sua posição consolidada

(EMBRAPA, 2005; EMBRAPA, 2008; BACH, 2009). Atualmente, o sul do Rio Grande do Sul tem como pólo de produção de pêssegos o município de Pelotas, onde mais de 90% da produção é destinada ao processamento industrial (TIMM et al., 2007).

De modo geral, o pêssego atinge melhor qualidade em áreas onde as temperaturas no verão são relativamente altas durante o dia e amenas no período noturno, tais condições propiciam aumento do teor de açúcares e melhorias na coloração. Também é requerido, para que se obtenha uma alta produtividade, um adequado suprimento de água, principalmente durante a primavera e o verão. Déficit hídrico prolongado durante o plantio e antes da colheita traz considerável prejuízo à cultura. Ventos fortes também podem ser prejudiciais diretamente, pois causam danos mecânicos e, dessa forma, contribuem para a propagação de doenças; e indiretamente, induzem o fechamento dos estômatos, reduzindo a atividade fotossintética e o crescimento das plantas (EMBRAPA, 2005).

O frio é um elemento climático importante para o pessegueiro para que ocorra a superação efetiva da dormência (temperaturas inferiores ou iguais a 7,2 °C ou até 11 °C, desde que o frio seja contínuo durante o período de repouso vegetativo). Quando as necessidades de frio não são alcançadas, ocorrem florescimento e brotação desuniformes e insuficientes, conduzindo a planta a um fenômeno conhecido por “erratismo”. A quantidade de frio é muito variável entre as cultivares. A grande maioria das cultivares de pessegueiro requer de 600 a 1000 horas de frio para florescer e enfolhar normalmente, sendo que algumas menos exigentes podem necessitar de apenas 100 horas de frio (EMBRAPA, 2005).

Dentro do contexto da adaptabilidade de culturas, os programas de melhoramento genético brasileiros têm obtido sucesso no desenvolvimento de novas cultivares-copa de pessegueiro visando maior produção, com melhor qualidade de frutas e, principalmente, adaptadas ao cultivo em condições subtropicais. Entretanto, os trabalhos com portaenxertos foram deixados em um segundo plano por muito tempo. Portanto, existe a necessidade urgente de incorporar conhecimentos científicos e tecnológicos que permitam superar diversos problemas de manejo de plantas de pessegueiro que envolve o uso de portaenxertos.

### ***Uso de portaenxertos***

A produção das frutas de caroço, em especial de pêssego, depende da qualidade da muda, das práticas de manejo e fundamentalmente da capacidade de resistir às condições adversas do meio. A qualidade da muda e o portaenxerto utilizado exerce um papel importante, pois é a base para uma fruticultura moderna, produtiva e rentável (FACHINELLO et al., 2000; SCHMITZ et al., 2014). A utilização de portaenxertos em fruticultura permite atender várias necessidades de cultivo como a adaptação às condições do solo, tolerância e/ou resistência a pragas e doenças do solo, bem como alterar a produtividade e vigor da cultivar copa (LORETI, 2008).

Nas condições brasileiras de produção de mudas, ainda é grande a utilização de portaenxertos provenientes de caroços da indústria conserveira (FACHINELLO et al., 2000), porém este tipo de material não possui controle de qualidade genética e sanitária, influenciando negativamente a produção e a produtividade de frutas de caroço (FACHINELLO & BIANCHI, 2005). Sendo assim, a identificação de portaenxertos adequados às diversas condições edafoclimáticas de cultivo e o seu desempenho inicial em diferentes condições de viveiro, são de grande interesse pelo setor produtivo de mudas e para os persicultures (SCHMITZ et al., 2014).

### ***Escolha do material vegetal para o estudo e suas características***

O pêssego ‘Capdeboscq’ (*P. persica*), é uma antiga cultivar que por muitos anos foi utilizada como portaenxerto e possui como características alta taxa de germinação das sementes, bom vigor e adaptabilidade às condições climáticas do RS, porém, é suscetível ao alagamento do solo e a diferentes espécies de nematóides causadores de galhas nas raízes (PAULA et al., 2011).

Já a cultivar de ameixeira Julior (*P. insititia* x *P. domestica*) é um híbrido de ‘Saint Julien’ (*P. insititia*) e ‘Pershore’ (*P. domestica*) selecionado na França, com boa compatibilidade de enxertia com cultivares de ameixeira e algumas de pêssego, induz baixo vigor nas plantas enxertadas, além de apresentar tolerância a períodos relativamente longos de hipoxia e resistência a nematóides causadores de galhas nas raízes (LAYNE, 1987; FELIPE, 1994).

A cultivar Marianna 2624 (*P. cerasifera* x *P. munsoniana*) é um portaenxerto de ameixeira, cujas principais características consistem na resistência a *Meloidogine*

*incognita*, *M. javanica*, *M. arenaria* e *M. hapla*, tolerância a Armilária [*Armillaria mellea* (Vahl:fr) Karst], a solos pesados e úmidos, além de ser moderadamente resistente à *Phytophthora cactorum* (LAYNE, 1987; DI VITO et al., 2002; BECKMAN & LANG, 2003). Embora tenha problemas de compatibilidade de enxertia com algumas cultivares de pêssego, pode ser uma opção interessante como portaenxerto de ameixeiras.

### ***A problemática da cultura de pêssego no Rio Grande do Sul***

Como discutido anteriormente, o Estado do Rio Grande do Sul (RS) configura no maior produtor de pêssego do Brasil. Porém, tamanha produção por vezes mascara um problema que ocorre em terras gaúchas: a produtividade ainda é baixa, pois em 13.164 hectares cultivados, obtêm-se a produção de 136.841 toneladas, o que resulta em torno de 10 toneladas por hectare ( $\approx 10 \text{ t ha}^{-1}$ ), enquanto que, no mesmo período, estados como São Paulo e Minas Gerais apresentaram média acima de 20  $\text{t ha}^{-1}$  (IBGE, 2015). Dentre os fatores que têm sido associados à baixa produtividade está a carência de estudos com portaenxertos e sobre as respostas diferenciais dos mesmos às condições de estresse biótico e abiótico que ocorrem no RS.

Na região Sul do Rio Grande do Sul, muitas das áreas cultivadas com *Prunus spp.* estão situadas em locais onde ocorre a existência de solos hidromórficos com horizontes pouco permeáveis, pouco profundos e com problemas de drenagem (CUNHA & SILVEIRA, 1996) e, somado a isso, apresenta alta precipitação pluviométrica média anual, acima de 1.500 mm, nem sempre bem distribuídas ao longo do ano, podendo ocasionar estresse hídrico por alagamento em períodos críticos para a cultura, como é o caso da fase de florescimento, devido ao excesso e intensidade de chuvas (FACHINELLO et al., 2003; MARTINAZZO et al., 2013). Já na fase de pré-colheita e colheita dos frutos, entre os meses de novembro e janeiro, é comum a ocorrência de déficit hídrico, afetando sobremaneira a qualidade e a produtividade dos pomares (MARTINAZZO et al., 2013).

### ***As mudanças climáticas globais e o estresse hídrico***

Nos últimos anos, as mudanças climáticas globais vêm se intensificando e, com isso, impactam de maneira drástica a produção de plantas cultivadas, uma vez

que estas estão constantemente expostas a muitos fatores desencadeadores de estresse, os quais podem prejudicar o desenvolvimento da cultura e a qualidade dos produtos colhidos (PISTELLI et al., 2012; KREUZWIESER & RENNENBERG, 2014; PIMENTEL et al., 2014). As concentrações atmosféricas dos gases como o dióxido de carbono, metano e óxido nitroso estão constantemente aumentando por causa da atividade antrópica. Entre o período pré-industrial e o ano de 2005, tais concentrações obtiveram aumento drástico, como valores de 36% ( $\text{CO}_2$ , de 280 para 379  $\mu\text{mol mol}^{-1}$ ), 148% ( $\text{CH}_4$ , de 715 para 1.774  $\text{nmol mol}^{-1}$ ) e 18% ( $\text{N}_2\text{O}$ , de 270 para 319  $\text{nmol mol}^{-1}$ ) (EPA – *United States Environmental Protection Agency*, 2015). Em vista disso, as temperaturas globais aumentaram neste mesmo período e, provavelmente, tendem a aumentar ainda mais em um futuro próximo. Consequentemente, o regime hidrológico global é fortemente afetado, acometendo em períodos de baixa pluviosidade e outros em que as chuvas são intensas e persistentes (FERNER et al., 2012, PISTELLI et al., 2012, MARTINAZZO et al., 2013, KREUZWIESER & RENNENBERG, 2014).

Frequentemente são observadas situações de seca, as quais vêm ocorrendo em todo o Mundo, sendo que tal situação impacta negativamente o crescimento e produtividade das plantas, uma vez que causa danos aos tecidos vegetais através da alteração da integridade das membranas, teor de pigmentos, relações de ajuste osmótico e atividade fotossintética (NAKASHIMA et al., 2014). Segundo Taiz & Zeiger (2013), o déficit hídrico possui efeitos primários de perturbação para a planta, sendo eles: redução do potencial hídrico, desidratação celular e resistência hidráulica. Em função dos efeitos primários, decorrem efeitos secundários, os quais consistem na redução da expansão celular/foliar, redução das atividades celulares e metabólicas, fechamento estomático, inibição fotossintética, abscisão foliar, desestabilização de membranas e proteínas, produção de espécies reativas de oxigênio (ERO) e, até, morte celular (ANJUM et al., 2011, TAIZ & ZEIGER, 2013, NAKASHIMA et al., 2014). Sob condições de estresse por seca, as raízes induzem uma cascata de sinalização para a parte aérea, via corrente transpiratória, causando mudanças fisiológicas, sendo o ácido abscísico (ABA), citocininas e etileno alguns dos responsáveis por essa sinalização. Em folhas, o ABA promove a despolarização das células-guarda, através da liberação massiva de íons potássio, cloro e malato para o apoplasto, resultando na perda de pressão de turgor e consequente

fechamento estomático (TAIZ & ZEIGER, 2013). Outro mecanismo que é afetado sob condições de déficit hídrico é a capacidade fotossintética, essencialmente por causar danos aos principais componentes da fotossíntese - incluindo o transporte de elétrons nos tilacóides, o ciclo de redução do carbono e o fechamento estomático, o qual controla a oferta de CO<sub>2</sub> – juntamente com um aumento do acúmulo de carboidratos, destruição peroxidativa de lipídios e distúrbios no equilíbrio osmótico (SAMARAH et al., 2009; ANJUM et al., 2011; TAIZ & ZEIGER, 2013).

Por outro lado, embora a precipitação média venha caindo em todo o Mundo, eventos de chuvas intensas e extremas estão ocorrendo com maior frequência (EPA, 2014; KREUZWIESER & RENNENBERG, 2014), podendo levar a situações de alagamento em solos que possuem problemas de drenagem, compactados e/ou ricos em argila (KUNDZEWICZ, 2005; BAILEY-SERRES & VOESENEK, 2008). Em solos bem drenados e bem estruturados, as raízes geralmente obtêm oxigênio suficiente para a respiração aeróbia diretamente dos espaços gasoso no solo (TAIZ & ZEIGER, 2013). A inundação do solo, entretanto, preenche com água os poros do solo, reduzindo a disponibilidade de O<sub>2</sub>. O oxigênio dissolvido difunde-se tão lentamente na água estagnada que apenas alguns centímetros de solo, nas proximidades da superfície, permanecem oxigenados. Atividades microbianas e da própria planta, então, consomem rapidamente o oxigênio restante, ocasionando situações de hipóxia (baixas concentrações de oxigênio, onde a respiração mitocondrial é reduzida e ocorre em conjunto com o processo fermentativo) e anóxia (oxigênio ausente, onde o ganho de energia ocorre apenas pelo processo fermentativo) (BAILEY-SERRES & VOESENEK, 2008; TAIZ & ZEIGER, 2013; KREUZWIESER & RENNENBERG, 2014). Em relação a parte aérea das plantas, um dos processos fisiológicos mais estudados e prejudicados durante o alagamento do solo são as trocas gasosas, particularmente a assimilação de CO<sub>2</sub>. No geral, as taxas de assimilação de CO<sub>2</sub> tendem a diminuir em períodos de alagamento (FERNER et al., 2012; HERRERA, 2013). A extensão dessa redução depende da tolerância da espécie e da deficiência de oxigênio no solo, ao passo que plantas tolerantes conseguem manter as taxas fotossintéticas em um nível relativamente alto ou não são afetadas pelo estresse, enquanto que estas taxas são fortemente reduzidas em espécies sensíveis (FERNER et al., 2012; KREUZWIESER & RENNENBERG, 2014). Tal processo de redução da assimilação de CO<sub>2</sub> pode ser

decorrente de limitações estomáticas (redução na condutância estomática) ou não-estomáticas (decréscimo da atividade e abundância da ribulose-1,5-bifosfato carboxilase/oxigenase e acumulação de carboidratos solúveis) (FERNER et al., 2012, HERRERA, 2013). Outros processos que sofrem distúrbio em plantas submetidas ao alagamento estão relacionados com a redução da respiração, metabolismo fermentativo, produção de ATP inadequada, produção de toxinas por micróbios anaeróbios, produção de ERO e, consequentemente, danos às membranas celulares (TAIZ & ZEIGER, 2013).

O desenvolvimento de culturas tolerantes ao estresse hídrico poderá ser uma grande vantagem em áreas onde tais situações ocorrem. Recentemente, com o advento de progressos em análises moleculares, está sendo possível a identificação de genes potenciais e que regulam mecanismos chave relacionados às respostas aos estresses bióticos e abióticos, os quais podem ser capazes de aumentar a tolerância de plantas frente a esses estresses (NAKASHIMA et al., 2014), o que abre a possibilidade de utilizar tais conhecimentos para o melhoramento de culturas de interesse, como é o caso de portaenxertos de *Prunus* spp., mais tolerantes aos estresses por déficit hídrico e ao alagamento do solo.

### ***Transcriptômica, Next Generation Sequencing (NGS) e a técnica de Sequenciamento massivo de RNA (RNA-Seq)***

O transcriptoma pode ser definido como o conjunto de transcritos de RNA mensageiro (mRNA), produzidos por uma célula ou tipo de tecido em particular, expressos por um organismo (BROWN, 2002; WANG et al., 2009). A título de comparação com o genoma, se difere pelo fato de o genoma ser caracterizado pela sua estabilidade, enquanto que o transcriptoma mudaativamente, incluindo fases de desenvolvimento e variações nas condições ambientais. O mRNA, embora caracterize o transcriptoma, corresponde a menos de 4% do RNA total das células (BROWN, 2002), porém aparece como o componente mais significativo, uma vez que contém os RNAs de codificação que especificam a composição do proteoma, determinando assim a capacidade bioquímica da célula (BROWN, 2002, LIU et al., 2012).

Os principais objetivos da transcriptômica se baseiam em: i) catalogar todas as espécies de transcrição, incluindo mRNAs, RNAs não-codificantes e pequenos

RNAs; ii) determinar a estrutura da transcrição de genes, em termo dos seus locais de iniciação, 5' e 3'; iii) padrões de *splicing* alternativo e outras modificações pós-transcpcionais e; iv) quantificar as mudanças nos níveis de expressão dos transcritos durante o desenvolvimento e sob diferentes condições fisiológicas (WANG et al., 2009; TRAPNELL et al. 2012; SOCQUET-JUGLARD et al., 2013). Em vista disso, a análise de expressão gênica se faz importante para desvendar mecanismos controladores de processos celulares, seja em plantas, animais ou até micróbios (LUI et al., 2012).

Com o surgimento dos sequenciadores de nova geração – *Next Generation Sequencing* (NGS) a capacidade de sequenciamento aumentou exponencialmente nos últimos anos (WANG et al., 2009; LUI et al., 2012; SOCQUET-JUGLARD et al., 2013). Diversas plataformas de sequenciamento surgiram, entre as quais podem ser citadas SOLiD e Ion Torrent PGM (Life Sciences), Genome Analyzer, HiSeq 2000, MiSeq (Illumina), GS FLX Titanium e GS Junior (Roche), entre outras (LIU et al., 2012). O sequenciamento massivo de RNA (RNA-Seq) por meio de NGS vem se popularizando rapidamente e faz com que outras tecnologias usadas na análise de transcriptomas sejam deixadas de lado, tanto pelo aumento da confiabilidade dos resultados produzidos pelos NGS bem como pela redução de custo no sequenciamento (LIU et al., 2012).

Na tecnologia de sequenciamento massivo de RNA (RNA-Seq), em suma, uma população de RNA (total ou fracionado) é convertida para uma biblioteca de fragmentos de cDNA com adaptadores ligados a uma ou ambas extremidades. Cada molécula, com ou sem amplificação, é então sequenciada em uma plataforma de alto rendimento para a obtenção de sequências curtas (*reads*) de uma extremidade (*single-end*) ou ambas extremidades (*pair-end*). As *reads* tipicamente são compostas entre 30-400 pares de bases, dependendo da tecnologia de sequenciamento empregada (WANG et al., 2009). Após o sequenciamento e de posse dos dados, iniciam-se os trabalhos de bioinformática, com o auxílio de vários programas computacionais e pacotes estatísticos, a exemplo do ‘R’ (TRAPNELL et al., 2009; TRAPNELL et al., 2010; LIU et al., 2012), para a montagem dos transcriptomas e posterior possibilidade de avaliação da estrutura da transcrição e dos níveis de expressão dos genes (WANG et al., 2009).

A tecnologia RNA-Seq estende as possibilidades de estudos do transcriptoma para a análise de genes previamente não identificados e de *splicing* alternativo (WANG et al., 2009). Ao contrário da técnica de microarranjo, que como requisito necessita a existência de chips específicos para a espécie alvo de estudo, a técnica de RNA-Seq pode ser realizada em espécies das quais o genoma ainda não foi sequenciado, fornecendo informações valiosas sobre a biologia de organismos não-modelo (RODAMILANS et al., 2014). Além disso, o RNA-Seq dispõe de uma gama dinâmica de quantificação e reduzida variabilidade técnica. Essas vantagens, juntamente com a diminuição do custo do sequenciamento, fazem do RNA-Seq um método cada vez mais usado para estudos de expressão de todo o genoma em muitos sistemas biológicos, incluindo espécies com genomas não sequenciados (VAN VERK et al., 2013). A tecnologia RNA-Seq também demonstrou ser altamente precisa para quantificar os níveis de expressão, tal como determinado utilizando PCR quantitativa em tempo real (qRT-PCR) (NAGALAKSHMI et al., 2008). Além disso, os resultados do RNA-Seq também apresentam níveis mais elevados de reprodutibilidade, tanto para replicatas técnicas quanto para replicatas biológicas, quando comparado com outras técnicas de análise de expressão diferencial (NOOKAEW et al., 2012). Assim, a metodologia de RNA-Seq vem se consolidando como mais eficiente e acurada, quando comparada à tecnologia de microarranjos, na identificação de genes associados a características de interesse, com aplicabilidade em estudos de fisiologia molecular e em programas de melhoramento genético em plantas.

À vista disso e considerando a importância que o cultivo de frutas de caroço possui no Brasil e no Rio Grande do Sul, estudos relacionados a estresses abióticos, tais como déficit hídrico e alagamento do solo, poderão contribuir significativamente para auxiliar em programas de melhoramento de portaenxertos, uma vez que ainda existe uma indefinição para escolha e uso dos mesmos no Brasil, especialmente na região Sul do Rio Grande do Sul, principal pólo produtor. Somado a isso, ainda são escassos os estudos a nível molecular e fisiológico voltados para o melhoramento de portaenxertos de *Prunus* spp.. Portanto, diante do exposto, no presente trabalho foram conduzidos dois experimentos que tiveram como objetivo caracterizar algumas respostas fisiológicas, relacionadas aos parâmetros de trocas gasosas, e

moleculares, através do uso da tecnologia de sequenciamento massivo de RNA, em portaenxertos de *Prunus* spp. submetidos a estresse hídrico.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

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

BACH, A. N. **O patrimônio industrial rural: as fábricas de compotas de pêssego em Pelotas.** 2009. 202f. Dissertação (Mestrado). Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, RS, Brasil, 2009.

BAILEY-SERRES, J.; VOESENEK, L. A. Flooding stress: acclimations and genetic diversity. **Annual Review Plant Biology**, v.59, n.1, p.313-339, 2008.

BECKMAN, T.G.; LANG, G.A. Rootstock breeding for stone fruits. **Acta Horticulturae**, Belgium v.622, p.531-550, 2003.

BROWN, T.A. Genomes.2nd edition. Oxford: Wiley-Liss; 2002.  
<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK21121/>.

DI VITO, M.; BATTISTINI, A.; CATALANO, L. Response of *Prunus* rootstocks to root-knot (*Meloidogyne* spp.) and root-lesion (*Pratylenchus vulnus*) nematodes. **Acta Horticulturae**, Belgium, v.592, p.663-668, 2002.

EMBRAPA Clima Temperado. **O Cultivo do Pêssego.** Sistemas de Produção, 4. ISSN 1806-9207. Versão Eletrônica, Pelotas. 2005.

EMBRAPA Clima Temperado. **Aspectos da produção e mercado do pêssego no Brasil.** Circular Técnica 80. ISSN 1981-5999, Pelotas. Versão Eletrônica, 2008.

EPA. United States Environmental Protection Agency. Acesso em 01 de fevereiro de 2015. Disponível em: <http://www.epa.gov/climatechange/ghgemissions/global.html>

FACHINELLO, J. C.; SILVA, C. A. P.; SPERANDIO, C.; RODRIGUES, A. C.; STRELOW, E. Z. Resistência de porta-enxertos para pessegueiro e ameixeira aos nematóides causadores de galhas (*Meloidogyne* spp.). **Ciência Rural**, v.30, n.1, p.1-6, 2000.

FACHINELLO, J. C.; TIBOLA, C. S.; VICENZI, M.; PARISOTTO, E.; PICOLOTTO, L.; MATTOS, M.L.T. Produção integrada de pêssegos: três anos de experiência na

região de Pelotas-RS. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.25, n.2, p.256-258, 2003.

FACHINELLO, J. C.; BIANCHI, V. J. 2005. **Porta-enxertos para frutas de caroço: banco ativo de germoplasma (BAG) e atividades de pesquisa na UFPel**. In: Simpósio Brasileiro de Recursos Genéticos, 2005, Pelotas. Resumos e Palestras. Pelotas: Embrapa Clima Temperado. v. 1. p. 103-107.

FAOSTAT. Food and Agriculture Organization of the United Nations Agricultural statistics. **Banco de dados**. Acesso em 22 de janeiro de 2015. Disponível em: <http://faostat.fao.org/site/567/DesktopDefault.aspx?PageID=567#ancor>

FELIPE, A. J. Portainjertos para duraznero y ciruelo. In: **Curso Internacional de Frutales de Carozo**. Rio Negro, p.1-50. 1994.

FERNER, E.; RENNENBERG, H.; KREUZWIESER, J. Effect of flooding on C metabolism of flood-tolerant (*Quercus robur*) and non-tolerant (*Fagus sylvatica*) tree species. **Tree Physiology**, v.32, n.1, p.135–145, 2012.

HERRERA, A. Responses to flooding of plant water relations and leaf gas exchange in tropical tolerant trees of a black-water wetland. **Frontiers in Plant Science**, v. 4, n.106, p.1-12, 2013.

IBGE. **Banco de dados**. Acessado em 22 de janeiro de 2015. Online. Disponível em: <http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/agric/default.asp?z=t&o=11&i=P>

KREUZWIESER, J.; RENNENBERG, H. Molecular and physiological responses of trees to waterlogging stress. **Plant, Cell and Environment**, v.10, n.1, p.2245-2259, 2014.

KUNDZEWICZ, Z. W. Climate change and floods. **WMO Bulletin**, v.55, n.1, p.170-173, 2005.

LAYNE, R.E.C.; CARLSON, R.F Peach rootstocks. In: CD ROM. **Rootstocks for fruit crops**. p.185-216, 1987.

LIU, L.; LI, Y.; LI, S.; HU, N.; HE, Y.; PONG, R.; LIN, D.; LU, L.; LAW, M. Comparison of Next-Generation Sequencing Systems. **Journal of Biomedicine and Biotechnology**, v. 2012, p. 1-11, 2012.

Loreti, F. Porta-enxertos para a cultura do pessegueiro do terceiro milênio. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.30, n.1, p.274-284, 2008.

MARTINAZZO, E. G.; PERBONI, A. T.; OLIVEIRA, P. V.; BIANCHI, V. J.; BACARIN, M. A. Atividade fotossintética em plantas de ameixeira submetidas ao déficit hídrico e ao alagamento. **Ciência Rural**, v.43, n.1, p.35-41, 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, n.5881, p.1344-1349, 2008.

NAKASHIMA, K.; YAMAGUCHI-SHINOZAKI, K.; SHINOZAKI, K. The transcriptional regulatory network in the drought response and its crosstalk in abiotic stress responses including drought, cold, and heat. **Frontiers in Plant Science**, v.5, n.170, p.1-7, 2014.

NOOKAEW, I.; PAPINI, M.; PORNPUPPAPONG, N.; SCALCINATI, G.; FAGERBERG, L.; UHLÉN, M.; NIELSEN, J. A comprehensive comparison of RNA-Seq-based transcriptome analysis from reads to differential gene expression and cross-comparison with microarrays: a case study in *Saccharomyces cerevisiae*. **Nucleic Acids Research**, v.40, n.20, p.10084-97, 2012.

PAULA, L. A.; BIANCHI, V. J.; GOMES, C. B. ; FACHINELLO, J. C. Reação de porta-enxertos de pessegueiro a *Meloidogyne incognita*. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 33, p. 680-684, 2011.

PIMENTEL, P.; ALAMADA, R. D.; SALVATIERRA, A.; TORO, G.; ARISMENDI, M. J.; PINTO, M. T.; SAGREDO, B.; PINTO, M. Physiological and morphological responses of *Prunus* species with different degree of tolerance to long-term root hypoxia. **Scientia Horticulturae**, v.180, n.1, p.14-23, 2014.

PISTELLI, L.; LACONA, C.; MIANO, D.; CIRLLI, M.; COLAO, M. C.; MENSUALI-SODI, A.; MULEO, R. Novel *Prunus* rootstock somaclonal variants with divergent ability to tolerate waterlogging. **Tree Physiology**, v.32, n.1, p.355-368, 2012.

RODAMILANS, B.; LEÓN, D. S.; MÜHLBERGER, L.; CANDRESSE, T.; NEUMULLER, M.; OLIVEROS, GARCÍA, J. A. Analysis of *Prunus domestica* Undergoing Hypersensitive Response to Plum Pox Virus Infection. **Plos One**, v.9, n.6, p.1-12, 2014.

SAMARAH, N. H.; ALQUDAH, A. M.; AMAYREH, J. A.; MCANDREWS, G. M. The effect of late-terminal drought stress on yield components of four barley cultivars. **Journal of Agronomy and Crop Science**, v.195, n.1, p.427-441, 2009.

SCHMITZ, J. D.; PASA, M. S.; FISCHER, D. L. O.; FACHINELLO, J. C.; BIANCHI, V. J. Desempenho de porta-enxertos em diferentes sistemas de cultivo na produção de mudas do pessegueiro 'Chimarrita'. **RevistaCeres**, v.61, n.2, p.1-7, 2014.

SOCQUET-JUGLARD, D.; KAMBER, T.; POTHIER, J. I. F.; CHRISTEN, D.; GESSLER, C.; DUFFY, B.; PATOCCHI, A. Comparative RNA-Seq Analysis of Early-Infected Peach Leaves by the Invasive Phytopathogen *Xanthomonas arboricola* pv. Pruni. **Plos One**, v.8, n.1, p.1-12, 2013.

TAIZ, L.; ZEIGER, E. **Fisiologia vegetal**. 5.ed. Porto Alegre: Artmed, 2009. 918p.

TIMM, L. C.; REISSER JÚNIOR, C.; TAVARES, L. E. Q.; MADAIL, J. C. M.; MANKE, G.; LEMOS, F. D.; RADÜNZ, A. L.; LISBOA, H.; PRESTES, R. B.; MORO, M. Caracterização dos persicultores irrigantes e dos métodos de irrigação no polo produtivo de pêssego da região de Pelotas. **Revista Brasileira de Agrociência**, v.13, p.413-417, 2007.

TRAPNELL, C.; PACTER, L.; SALZBERG, STEVEN, L. TopHat: discovering Splice junctions with RNA-Seq. **Bioinformatics**, v.25, n.9, p.1105-1111, 2009.

TRAPNELL, C.; WILLIAMS, B.A.; PERTEA, G.; MORTAZAVI, A.M.; KWAN, G.; VAN BAREN, M.J.; SALZBERG, S.L.; WOLD, B.; PACTER, L. Transcript assembly and abundance estimation from RNA-Seq reveals thousands of new transcripts and switching among isoforms. **Nature Biotechnology**, v.28, n.5, p.511–515, 2010.

TRAPNELL., C.; ROBERTS, A.; GOFF, L.; PERTEA, G.; KIM, D.; KELLEY, D. R.; PIMENTEL, H.; SALZBERG, S. L.; RINN, J.; L.; PACTER, L. Differential gene and transcript expression analysis of RNA-seq experiments with TopHat and Cufflinks. **Nature Protocols**, v.7, n.3,p.562-578, 2012.

VAN VERK, M.C.; HICKMAN, R.; PIETERSE, C.M.J.; VAN WEES, S.C.M. RNA-Seq: revelation of the messengers. **Trends in Plant Science**, v. 18, n. 4, p. 175-179, 2013.

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

## CAPÍTULO 1

### Parâmetros de trocas gasosas em diferentes portaenxertos de *Prunus spp.* submetidos ao estresse por seca e alagamento

#### 1 INTRODUÇÃO

No Brasil, as duas principais espécies de frutas de caroço cultivadas são o pessegueiro (*Prunus persica* L. Batsch) e a ameixeira japonesa (*Prunus salicina* Lindl.). A cultura do pessegueiro é a mais importante, sendo o Brasil o 14º maior produtor mundial de pêssegos (FAOSTAT, 2015), onde os Estados do Sul se destacam por apresentarem condições climatológicas que favorecem a sua exploração comercial (EMBRAPA, 2005). O Estado do Rio Grande do Sul é o maior produtor nacional, produzindo 132.736 toneladas em 13.514 hectares de área cultivada no ano de 2012 (IBGE, 2015).

Ainda que detentores da maior produção nacional de pêssegos, os pomares gaúchos possuem o índice de produtividade média considerado baixo ( $\approx 10 \text{ t ha}^{-1}$ ), e dentre os fatores associados a baixa produtividade está a carência de estudos sobre as respostas dos portaenxertos sob condições de estresse biótico e abiótico e, além disso, Pimentel et al. (2014) relata que espécies de *Prunus* são considerados sensíveis à hipoxia, embora exista variabilidade para a tolerância entre diferentes cultivares.

Outro fato associado à baixa produtividade é o modelo de produção de portaenxertos de pessegueiro que se dá, na grande maioria dos casos, através do uso de caroços obtidos nas agroindústrias de conservas. Esse tipo de material não possui controle de qualidade genética e sanitária, influenciando negativamente a produção e a produtividade de frutas de caroço (FACHINELLO; BIANCHI, 2005).

O estresse hídrico é um fator ambiental recorrente no Rio Grande do Sul, sendo que a zona Sul deste Estado é caracterizada por apresentar extensas áreas de solos hidromórficos, pouco permeáveis e com problemas de drenagem (CUNHA & SILVEIRA, 1996). Somado a isso, na grande maioria dos anos, a precipitação pluviométrica média anual é considerada alta ( $\approx 1500 \text{ mm}$ ), porém nem sempre é

bem distribuída ao longo do ano, podendo ocasionar alagamento devido ao excesso de chuva em determinados períodos (FACHINELLO et al., 2003).

Muito embora as plantas necessitem de livre acesso à água para a absorção de nutrientes, o excesso de água em torno das raízes pode ser prejudicial ou mesmo letal, uma vez que reduz drasticamente a transferência de oxigênio livre entre o solo e a atmosfera (PISTELLI et al., 2012), diminuindo os níveis deste gás no ambiente em torno das raízes, induzindo asfixia radicular (AMADOR et al., 2012) e prejudicando sobremaneira períodos críticos da cultura, como é o caso da fase de florescimento e início da brotação (MARTINAZZO et al., 2013). Por outro lado, quase todos os anos alguma região da Terra é atingida pelo déficit hídrico, danificando as culturas e prejudicando ou até interrompendo a produção agrícola (NAKASHIMA et al., 2014). Tal situação pode ser observada no Estado do Rio Grande do Sul nos meses compreendidos entre novembro e janeiro, onde são recorrentes períodos de déficit de pluviosidade, podendo levar a planta a sofrer um estresse por seca na fase que antecede a maturação dos frutos, afetando de maneira crucial a qualidade dos mesmos e a produtividade do pomar (MARTINAZZO et al., 2013).

Tais estresses, tanto por seca como por alagamento, afetam de maneira geral o metabolismo de plantas lenhosas, desde a expressão gênica e produção/consumo de energia até o crescimento e desenvolvimento (PIMENTEL et al., 2014). Uma série de estudos tem relatado que o processo fotossintético é progressivamente reduzido em plantas submetidas a condições de estresse hídrico, inicialmente como efeito protetor, bem como em consequência do fechamento dos estômatos, diminuição da área foliar e diminuição da concentração de clorofila na folha (DREYER, 1994; PEZESHKI et al., 1996; MIELKE et al., 2003; ISLAM & MACDONALD, 2004; ELSE et al., 2009; MEDINA et al., 2009, MARTINAZZO et al., 2013, PIMENTEL et al., 2014), resultando em significativas limitações fisiológicas que podem causar severas quedas na produtividade das plantas (NAKASHIMA et al., 2014).

Mesmo que o fechamento estomático possa representar uma vantagem imediata em resposta ao estresse hídrico, causando uma redução na taxa de perda de água e prevenindo a desidratação do tecido, o mesmo pode restringir a difusão de CO<sub>2</sub> para dentro das folhas, levando a uma redução no metabolismo do carbono (GIL et al., 2009). Dessa maneira, o monitoramento das trocas gasosas em plantas

cultivadas submetidas ao estresse hídrico aparece como valiosa ferramenta para auxiliar na compreensão dos mecanismos que regulam este processo, para que assim possam ser adotadas estratégias de manejo de portaenxertos que sejam capazes de reduzir os efeitos prejudiciais do estresse hídrico e adquirir informações relevantes para programas de melhoramento de *Prunus*.

Diante do exposto, o objetivo do presente trabalho foi avaliar o efeito do estresse provocado por déficit hídrico e alagamento do solo na atividade fotossintética de plantas de *Prunus* spp.

## 2 MATERIAL E MÉTODOS

Plantas de pêssego cultivar 'Capdeboscq' (*Prunus persica*), considerada suscetível ao alagamento do solo; de ameixa cultivar 'Julior' (*P. insititia* x *P. domestica*), a qual apresenta tolerância a períodos relativamente longos de hipoxia; e cultivar Marianna 2624 (*P. cerasifera* x *P. munsoniana*), que apresenta boa adaptabilidade a solos pesados e úmidos, foram propagadas por estaquia, cultivadas em vasos com capacidade de 5 litros, contendo solo de pomar do Centro Agropecuário da Palma (argissolo vermelho amarelo distrófico típico) e mantidas em casa de vegetação com temperatura controlada. Quando as plantas apresentavam 10 meses foi iniciado o experimento, o qual consistiu na indução de estresse hídrico, com a suspensão completa da irrigação (estresse por déficit hídrico), manutenção de lâmina d'água de aproximadamente 3 cm acima do nível do solo (estresse por alagamento) e um grupo de plantas controle, as quais eram irrigadas diariamente. Foram avaliados os parâmetros de trocas gasosas diariamente, por um período de sete dias (compreendidos entre 21 de dezembro e 27 de dezembro de 2013) para ambos estresses (déficit hídrico e alagamento), sendo que para a cultivar 'Capdeboscq' submetida ao estresse por alagamento, as avaliações cessaram aos quatro dias de estresse devido a abscisão foliar.

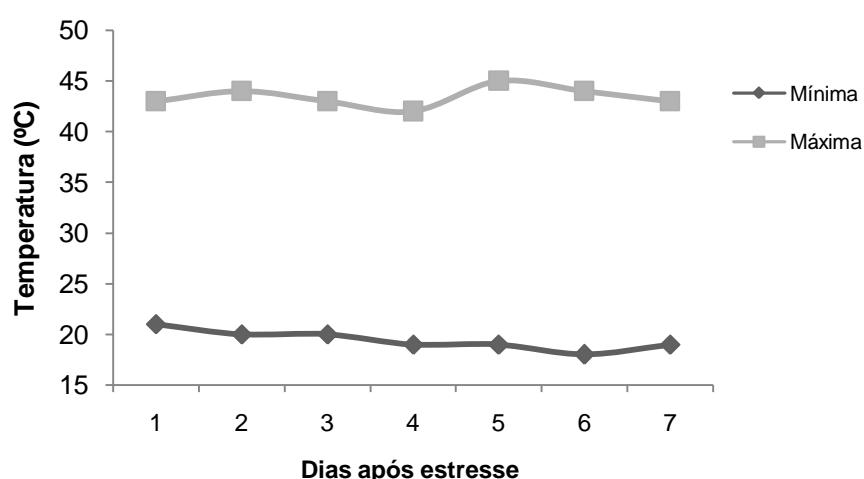
As medidas das trocas gasosas, realizadas entre 9 e 11h, foram efetuadas sempre nas mesmas folhas e em duas folhas por planta, sendo estas maduras, completamente expandidas e localizadas no terço médio de cada ramo, utilizando-se um analisador portátil a infravermelho de CO<sub>2</sub> (modelo LI-6400XT, LI-COR, Inc., Lincoln, NE, USA). As concentrações de CO<sub>2</sub> na câmara foram ajustadas para 380mol mol<sup>-1</sup>, densidade de fluxo de fôtons de 1.200µmol m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup> e a temperatura

dentro da câmara manteve-se sempre em torno de  $28^{\circ}\text{C} \pm 2^{\circ}\text{C}$ . O delineamento experimental foi inteiramente casualizado, em esquema fatorial  $3 \times 7$ , sendo três tratamentos (controle, déficit hídrico e alagamento) e sete dias de avaliação. Cada tratamento foi composto por três repetições, cada uma representada por uma planta, e duas leituras por planta, totalizando seis determinações por tratamento e cultivar.

Os resultados obtidos dos parâmetros de trocas gasosas foram avaliados por meio do programa estatístico WinStat (versão 1.0), onde foi realizada análise de variância e as médias comparadas dentro de cada dia de experimento e cada cultivar através do teste de Tukey ( $p < 0,05$ ).

### 3 RESULTADOS

No presente trabalho, plantas de três espécies de *Prunus* spp. foram avaliadas quanto a tolerância ao estresse hídrico, sendo as mesmas mantidas em casa de vegetação, onde as temperaturas mínimas e máximas registradas não apresentaram grande oscilação durante os dias de condução do experimento, mantendo-se praticamente constantes durante todo o período de estresse (figura 1). O maior valor de temperatura máxima foi registrado aos cinco dias (25 de dezembro de 2013), sendo que o termômetro chegou à marca dos  $45^{\circ}\text{C}$ , e aos quatro dias (24 de dezembro) marcou  $42^{\circ}\text{C}$ , o que configurou na menor dentre as temperaturas máximas verificadas durante o dia. Por outro lado, as temperaturas mínimas, as quais foram observadas no período noturno, oscilaram entre os  $18^{\circ}\text{C}$  (sexto dia) e  $21^{\circ}\text{C}$  (primeiro dia de experimento).



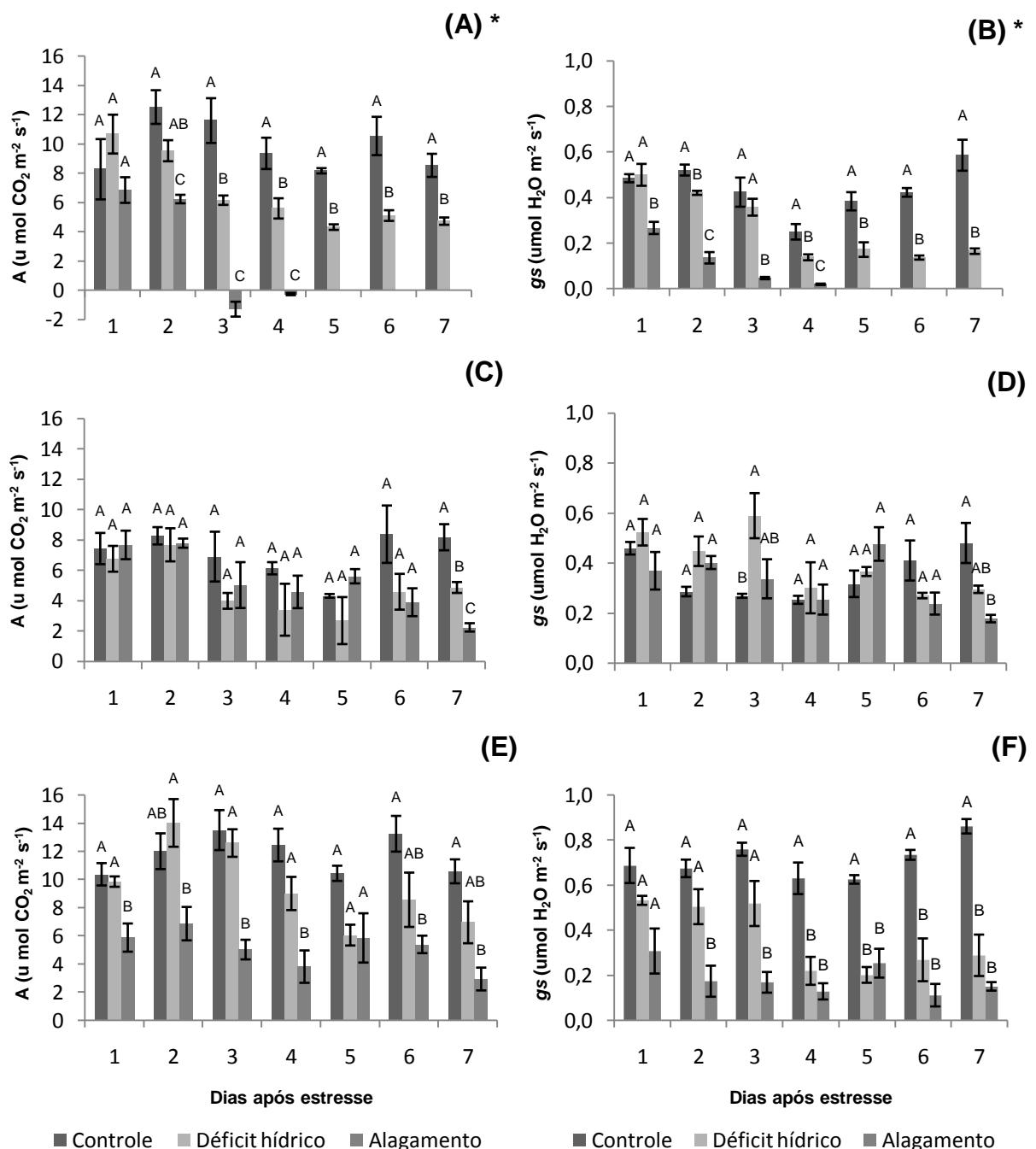
**Figura 1.** Temperaturas mínimas e máximas registradas no decorrer do experimento, entre os dias 21 de dezembro (dia 1 de estresse) e dia 27 de dezembro de 2013 (dia 7 de estresse).

Os parâmetros de trocas gasosas registrados nas plantas dos três portaenxertos de *Prunus* spp. nas condições de controle, déficit hídrico e alagamento são apresentados na figura 2 e tabelas 1, 2 e 3.

A taxa fotossintética líquida ou taxa assimilatória líquida de CO<sub>2</sub> (*A*) das plantas do pêssego cv. Capdeboscq apresentou redução significativa dos valores a partir de 48 horas (dois dias) de estresse para as condições de déficit hídrico e alagamento, em relação as plantas controle, comportamento este que seguiu até o último dia de avaliação (quarto dia para alagamento e sétimo dia para déficit hídrico) (figura 2A). A condutância estomática (*gs*) demonstrou diferença significativa para o estresse por alagamento a partir das 24 horas (um dia) da aplicação do mesmo, onde obteve gradativa queda das médias até o quarto dia de experimento (figura 2B). Já no déficit hídrico, aos quatro dias de estresse as plantas apresentaram redução de cerca de 50% nos valores de *gs* quando comparadas ao controle e, para os dias seguintes, os valores não chegavam a ser um terço do valor registrado nas plantas controle, chegando ao último dia com um valor de *gs* 80% menor perante o controle.

Para os demais parâmetros de trocas gasosas de ‘Capdeboscq’, apresentados na tabela 1, verificou-se que a concentração interna de CO<sub>2</sub> (*C<sub>i</sub>*) das plantas controle se mantiveram bastante estáveis durante todo o período do experimento, já as plantas expostas ao alagamento, obtiveram um decréscimo significativo aos dois dias de experimento, seguido de um aumento significativo das médias, para esta variável, aos três e quatro dias. Por outro lado, sob déficit hídrico as plantas apresentaram uma queda mais acentuada apenas aos quatro dias de estresse, posteriormente voltando a valores entre 300,7 e 318,7 µmol CO<sub>2</sub> mol<sup>-1</sup> até o final do período de avaliação. A taxa transpiratória (*E*) das plantas em estresse por déficit hídrico teve queda significativa em relação às plantas controle a partir de quatro dias de estresse e, após, os seus valores sempre se mantiveram menores em relação ao controle até o final do experimento. As plantas alagadas apresentavam valores mais baixos para este parâmetro desde o primeiro dia de estresse, chegando a valores próximos a zero aos três e quatro dias (0,82 e 0,34 mmol H<sub>2</sub>O m<sup>-2</sup> s<sup>-1</sup>, respectivamente) de estresse. Quanto à eficiência do uso da água (EUA), para o tratamento por déficit hídrico, não houve diferença significativa perante o

controle. Já para plantas submetidas ao alagamento, o comportamento foi diferente, e ao terceiro e quarto dias de avaliação, os valores apresentavam-se negativos.



**Figura 2.** Taxa fotossintética líquida ( $A$ ) e condutância estomática ( $gs$ ) de plantas de portaenxertos de pêssego cv. Capdeboscq (A e B) e de ameixeira cv. Julior (C e D) e Marianna 2624 (E e F) submetidas a estresse hídrico (déficit hídrico e alagamento) durante sete dias. As barras indicam o erro padrão da média de três repetições. Médias comparadas dentro de cada dia para uma dada cultivar e seguidas pela mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade ( $n=3$ ). \*Avaliações das plantas submetidas ao alagamento cessadas após o quarto dia de estresse devido à excessiva abscisão foliar que as mesmas apresentaram durante o período de estresse.

**Tabela 1.** Parâmetros de trocas gasosas de plantas de portaenxertos de pessegueiro, cultivar Capdebosq, submetidas a estresse por déficit hídrico e alagamento do solo. Médias comparadas dentro de cada dia e seguidas pela mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey ( $p<0,05$ ) ( $n=3$ ).

		Dias após estresse						
		1	2	3	4	5	6	7
<b>Ci (<math>\mu\text{mol CO}_2 \text{ mol}^{-1}</math>)</b>	Controle	329,7 A	307,5 AB	308,0 B	302,3 B	325,3 A	314,7 A	327,1 A
	Déficit hídrico	320,0 A	316,8 A	330,0 B	285,4 B	318,7 A	300,7 A	314,8 A
	Alagamento	314,7 A	284,0 B	424,6 A	377,6 A	-	-	-
	CV (%)	4,41	4,20	5,42	7,35	3,69	2,92	2,47
<b>E (<math>\text{mmol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}</math>)</b>	Controle	4,94 A	4,95 A	4,07 A	2,98 A	3,62 A	4,10 A	5,03 A
	Déficit hídrico	5,10 A	4,37 A	3,75 A	1,81 B	2,29 B	1,86 B	2,37 B
	Alagamento	3,55 B	2,05 B	0,82 B	0,33 C	-	-	-
	CV (%)	7,52	8,77	16,46	13,94	17,7	8,84	12,32
<b>EUA [<math>(\text{mmol H}_2\text{O m}^{-2}\text{s}^{-1})^{-1}</math>]</b>	Controle	1,66 A	2,52 A	2,86 A	3,13 A	2,27 A	2,56 A	1,70 A
	Déficit hídrico	2,08 A	2,18 A	1,65 A	3,15 A	1,98 A	2,76 A	2,04 A
	Alagamento	2,00 A	3,11 A	-1,50 B	-0,89 B	-	-	-
	CV (%)	26,83	14,36	70,26	37,48	19,65	16,29	20,05
<b>Eficiência de Carboxilação (A/Ci)</b>	Controle	0,0260 A	0,0400 A	0,0381 A	0,0311 A	0,0250 A	0,0330 A	0,0260 A
	Déficit hídrico	0,0334 A	0,0300 AB	0,0187 B	0,0197 B	0,0136 B	0,0170 B	0,0150 B
	Alagamento	0,0220 A	0,0219 B	-0,0029 C	-0,0006 C	-	-	-
	CV (%)	34,31	17,24	32,24	30,72	5,58	23,85	14,24

No que diz respeito à eficiência de carboxilação para ‘Capdeboscq’, o alagamento também demonstrou maior severidade em contraste com o estresse por seca, apresentando queda acentuada nas médias e valores negativos para esta variável aos três e quatro dias de avaliação, enquanto que o déficit hídrico demonstrou queda gradativa ao longo do período.

Os portaenxertos de ameixeira da cultivar Julior apresentaram comportamento similar em quatro dos parâmetros avaliados, sendo eles taxa fotossintética líquida ( $A$ ) (figura 2C), taxa transpiratória ( $E$ ), eficiência no uso da água (EUA) e eficiência de carboxilação (tabela 2). Para estas variáveis, até o sexto dia de avaliações, em ambas condições de estresses (déficit hídrico e alagamento) não foram registradas diferenças significativas quando avaliados dentro de cada dia e em relação ao controle, evidenciando, ao sétimo dia, redução mais drástica nos valores para o estresse por alagamento em comparação com os de déficit hídrico. Para a variável condutância estomática ( $gs$ ) (figura 2D), ocorreu comportamento similar com o observado nas outras variáveis analisadas em ‘Julior’, com exceção do terceiro dia de estresse, onde o controle diferiu significativamente das plantas submetidas a estresse. Já a variável  $Ci$  não seguiu a mesma tendência em comparação com as outras avaliadas em ‘Julior’, sendo que seus valores obtiveram aumento e se apresentaram maiores quando comparados com o controle.

‘Marianna 2624’, outra cultivar de ameixeira avaliada neste trabalho, obteve resultados diferentes dos que foram encontrados em ‘Julior’ no decorrer do experimento. Para os parâmetros de taxa fotossintética líquida ( $A$ ) e condutância estomática ( $gs$ ) (figura 2E e 2F), embora as plantas de ‘Marianna 2624’ apresentassem valores superiores de  $A$  ( $10\text{-}13 \text{ umol CO}_2 \text{ m}^{-2} \text{ s}^{-1}$ ) e  $gs$  ( $0,6\text{-}0,9 \text{ umol H}_2\text{O m}^{-2} \text{ s}^{-1}$ ) nas plantas controle em comparação com a cultivar Julior [ $A$  ( $4\text{-}8 \text{ umol CO}_2 \text{ m}^{-2} \text{ s}^{-1}$ ) e  $gs$  ( $0,3\text{-}0,5 \text{ umol H}_2\text{O m}^{-2} \text{ s}^{-1}$ )], este comportamento não se manteve estável ao longo dos dias nas plantas estressadas, como observado em ‘Julior’. As plantas de ‘Marianna 2624’ submetidas ao alagamento apresentaram diferença significativa, comparado com controle ou déficit hídrico, desde o primeiro dia de experimento para  $A$  e a partir do segundo dia para  $gs$ . Plantas submetidas ao déficit hídrico obtiveram valores de  $gs$  mais reduzidos perante o controle desde o primeiro dia, porém só se observou diferença estatística significativa entre ambos a partir do quarto dia de experimento (figura 2E e 2F).

**Tabela 2.** Parâmetros de trocas gasosas de plantas de portaenxertos de ameixeira, cultivar Julior, submetidas a estresse por déficit hídrico e alagamento do solo. Médias comparadas dentro de cada dia e seguidas pela mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey ( $p<0,05$ ) ( $n=3$ ).

		Dias após estresse						
		1	2	3	4	5	6	7
$C_i$ ( $\mu\text{mol CO}_2 \text{ mol}^{-1}$ )	Controle	331,8 A	308,3 A	317,6 B	322,7 B	341,2 A	324,0 A	328,3 A
	Déficit hídrico	332,8 A	329,3 A	355,0 A	352,7 A	357,3 A	336,7 A	353,0 A
	Alagamento	332,0 A	323,7 A	339,7 AB	334,8 AB	342,0 A	339,7 A	345,3 A
	CV (%)	3,57	2,67	4,23	2,75	2,65	3,15	3,79
$E$ ( $\text{mmol H}_2\text{O m}^{-2} \text{ s}^{-1}$ )	Controle	4,77 A	3,46 A	3,27 A	3,03 A	3,16 A	3,99 A	4,52 A
	Déficit hídrico	5,14 A	4,43 A	4,92 A	3,10 A	3,68 A	3,11 A	3,55 AB
	Alagamento	4,26 A	4,34 A	3,63 A	2,75 A	4,23 A	2,82 A	2,48 B
	CV (%)	15,19	12,94	19,15	31,79	23,09	19,97	15,85
EUA [ $(\text{mmol H}_2\text{O m}^{-2} \text{ s}^{-1})^{-1}$ ]	Controle	1,55 A	2,43 A	2,12 A	2,03 A	1,39 A	2,05 A	1,83 A
	Déficit hídrico	1,32 A	1,75 A	0,80 A	0,90 A	0,60 A	1,50 A	1,37 B
	Alagamento	1,80 A	1,80 A	1,31 A	1,62 A	1,23 A	1,35 A	0,99 C
	CV (%)	16,36	20,43	42,42	30,91	35,6	28,67	13,28
Eficiência de Carboxilação (A/Ci)	Controle	0,0224 A	0,0269 A	0,0222 A	0,0190 A	0,0123 A	0,0260 A	0,0250 A
	Déficit hídrico	0,0257 A	0,0234 A	0,0110 A	0,0099 A	0,0077 A	0,0138 A	0,0140 B
	Alagamento	0,0230 A	0,0240 A	0,0149 A	0,0137 A	0,0164 A	0,0115 A	0,0063 B
	CV (%)	24,2	19,26	48,2	44,53	38,08	45,88	20,33

Os demais parâmetros de trocas gasosas para ‘Marianna 2624’ são apresentados na tabela 3, onde observa-se que a concentração interna de CO<sub>2</sub> (C<sub>i</sub>) apresentou diferença significativa nos valores apenas aos quatro e seis dias de experimento em comparação com o controle, para o tratamento por déficit hídrico e, as 24 e 48 horas para o alagamento. Para a taxa transpiratória (*E*), as plantas alagadas obtiveram valores significativamente inferiores ao controle desde o primeiro dia de submissão ao estresse. Nas plantas sob déficit hídrico, apenas a partir do quarto dia começaram a diminuir significativamente seus valores perante o controle, permanecendo assim até o último dia de avaliação. A eficiência no uso da água (EUA), ao contrário do que vinha se observando nas demais avaliações, obteve seus maiores valores nas plantas submetidas ao alagamento, ou quando os valores foram ligeiramente mais baixos, os mesmos não diferiram estatisticamente do controle. O mesmo pode ser constatado nas plantas que receberam o tratamento por déficit hídrico, onde apenas no primeiro dia de estresse apresentou valor menor do que foi encontrado nas plantas controle. Para o parâmetro de eficiência de carboxilação, somente o estresse por alagamento diferiu significativamente do déficit hídrico ou do controle a partir dos dois dias de experimento, exceto no quinto dia, onde não houve diferença entre os tratamentos.

**Tabela 3.** Parâmetros de trocas gasosas de plantas de portaenxertos de ameixeira, cultivar Marianna 2624, submetidas a estresse por déficit hídrico e alagamento do solo. Médias comparadas dentro de cada dia e seguidas pela mesma letra não diferem entre si pelo teste de Tukey ( $p<0,05$ ) ( $n=3$ ).

		Dias após estresse						
		1	2	3	4	5	6	7
<b>Ci (<math>\mu\text{mol CO}_2 \text{ mol}^{-1}</math>)</b>	Controle	335,3 A	333,0 A	320,6 A	318,1 A	327,8 A	319,6 A	332,5 A
	Déficit hídrico	324,3 A	298,7 AB	310,3 A	277,3 B	310,7 A	297,7 B	315,5 A
	Alagamento	295,0 B	276,7 B	308,7 A	319,2 A	330,7 A	308,3 AB	336,6 A
	CV (%)	2,96	4,57	2,11	5,14	2,84	2,53	2,78
<b>E (<math>\text{mmol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1}</math>)</b>	Controle	5,57 A	5,24 A	5,32 A	4,81 A	4,92 A	5,28 A	5,85 A
	Déficit hídrico	5,29 A	4,79 A	4,60 A	2,46 B	2,48 B	2,90 B	3,23 B
	Alagamento	2,32 B	2,15 B	2,07 B	1,73 B	2,79 B	2,13 B	2,16 B
	CV (%)	10,07	16,01	15,43	22,39	19,1	23,32	20,7
<b>EUA [<math>(\text{mmol H}_2\text{O m}^{-2} \text{s}^{-1})^{-1}</math>]</b>	Controle	1,87 B	2,25 B	2,54 A	2,59 AB	2,12 A	2,51 A	1,81 A
	Déficit hídrico	1,86 B	2,92 A	2,74 A	3,83 A	2,44 A	3,025 A	2,19 A
	Alagamento	2,54 A	3,25 A	2,47 A	2,12 B	2,03 A	2,22 A	1,32 A
	CV (%)	10,39	9,08	13,13	18,66	8,57	11,18	20,95
<b>Eficiência de Carboxilação (A/Ci)</b>	Controle	0,0310 A	0,0364 AB	0,0420 A	0,0330 A	0,0319 A	0,0410 A	0,0319 A
	Déficit hídrico	0,0300 A	0,0469 A	0,0400 A	0,0320 A	0,0195 A	0,0280 AB	0,022 AB
	Alagamento	0,0199 A	0,0247 B	0,0162 B	0,0120 B	0,0179 A	0,0175 B	0,0088 B
	CV (%)	17,44	24,03	19,61	22,83	28,6	26,28	28,29

## 4 DISCUSSÃO

Com base nos resultados obtidos foi possível constatar que as respostas dos portaenxertos de *Prunus* spp. frente aos efeitos do estresse hídrico dependem de vários fatores, como o tipo de estresse imposto (seca ou alagamento), tempo de duração do mesmo e, principalmente, do nível de tolerância do genótipo, o qual notadamente foi discrepante, especialmente quando comparamos espécies diferentes (pessegueiro e ameixeira). É de conhecimento e relatado por vários autores na literatura que o estresse hídrico proporciona fortes impactos ao metabolismo das plantas, sendo a redução na capacidade fotossintética e condutância estomática consideradas limitadoras e desencadeadoras de vários outros processos danosos (CHAVES et al., 2009; FERNER et al., 2012; PIMENTEL et al., 2014; KREUZWIESER & RENNENBERG, 2014). Segundo Kreuzwieser e Rennerberg (2014) há fortes indícios de que limitações tanto estomáticas quanto não-estomáticas estão envolvidas na redução progressiva da capacidade fotossintética em plantas submetidas a pressões ambientais.

O processo de fechamento estomático ocorre em resposta ao estresse devido ao declínio de turgor na folha, sinais químicos gerados nas raízes ou pelo déficit de pressão de vapor (FLEXAS et al., 2007; CHAVES et al., 2009). Esta resposta é inicialmente considerada protetora à planta, uma vez que evita a perda excessiva de água, auxiliando a planta a utilizar a água de forma mais eficiente (CHAVES et al., 2009), entretanto se o estresse tornar-se mais duradouro e severo, a redução na condutância estomática acaba progressivamente prejudicando o processo de fotossíntese, uma vez que o fornecimento de CO<sub>2</sub> à Rubisco (ribulose-1,5-bifostato carboxilase/oxigenase) torna-se difícil, impossibilitando o uso de toda a energia luminosa para a produção de ATP e NADPH<sub>2</sub>, o que predispõe ao aumento da dissipação da energia pelo aparato fotossintético e a regulação negativa da fotossíntese, aumentando assim a suscetibilidade à fotoinibição (OUKARROUM et al, 2007; CHAVES et al, 2009; NAKASHIMA et al, 2014).

Ambos eventos (diminuição nos valores de A e gs) foram evidenciados no experimento realizado e nos três genótipos avaliados, porém para a cultivar de ameixeira 'Julior' isto ocorreu apenas no último dia de estresse, onde obteve redução significativa nos valores de A e gs tanto para o tratamento por alagamento como de seca. O tratamento por alagamento demonstrou ser mais agravante para

as plantas de todos os genótipos avaliados em comparação com o déficit hídrico para as variáveis *A* e *gs*, sendo para a cultivar ‘Capdeboscq’ (*Prunus persica*) fator determinante para o desenvolvimento do trabalho, pois aos quatro dias as plantas já haviam perdido todas as suas folhas, impossibilitando a continuidade do mesmo e, demonstrando assim, ser uma cultivar altamente sensível ao estresse por alagamento. No trabalho de Messchmidt (2014) a cultivar Capdeboscq também apresentou maior suscetibilidade - frente ao alagamento, porém as plantas sobreviveram até o oitavo dia de estresse. Essa diferença é explicada, provavelmente, devido às altas temperaturas somadas ao alagamento enfrentados pelas plantas no período do presente experimento (figura 1), o que proporcionou um abrupto declínio em quatro dos seis parâmetros fotossintéticos avaliados até o quarto dia, onde as plantas sofreram grave abscisão foliar, impossibilitando a continuidade do experimento.

O fechamento estomático e a diminuição na fotossíntese líquida pós estresse hídrico já foram relatados em *Prunus* (DOMINGO et al., 2002; Nicolás et al., 2005; MARTINAZZO et al., 2011, AMADOR et al., 2012, MARTINAZZO et al., 2013; PIMENTEL et al, 2014). Em ensaios com portaenxertos do híbrido ‘GxN-9’ (*Prunus dulcis* Mill. × *Prunus persica* L. Bastsch), Martinazzo et al. (2011) também observaram maior severidade imposta pelo estresse por alagamento do que déficit hídrico, porém as plantas de ‘GxN-9’ começaram a obter queda significativa nos valores de *A* e *gs* apenas no sétimo e oitavo dias de experimento. Martinazzo et al. (2013), analisando a ameixeira cv. América (*Prunus salicina*) constataram queda nos parâmetros fotossintéticos avaliados a partir do quarto e quinto dias de estresse, porém, ao contrário do observado neste trabalho com ‘Julior’, a ameixeira ‘América’ demonstrou consequências mais graves para o tratamento por déficit hídrico em comparação com alagamento. Em experimento similar, Pimentel et al. (2014) submeteram plantas de ‘Marianna 2624’ ao alagamento e, ao analisar *A* e *gs*, verificaram queda dos parâmetros apenas aos 14 dias de estresse e o índice de sobrevivência das plantas foi de 100%. Entretanto, registraram temperaturas máximas que variavam entre 25 e 30 °C, valores bem abaixo dos ocorridos no período do presente trabalho, que oscilaram entre 42 e 45 °C.

Dias quentes e com radiação solar intensa aumentam de forma significativa a quantidade de água transpirada pelas folhas e, sob estresse, a quantidade de água

absorvida pelas raízes e transportada pelo xilema é pouca ou nula (dependendo da intensidade do estresse), prejudicando assim ainda mais a entrada de CO<sub>2</sub> na folha e, consequentemente, a fotossíntese (MARENCO & LOPES, 2007; CHAVES et al., 2009).

A diminuição dos valores de condutância estomática também têm interferência direta em outros parâmetros, como a concentração interna de CO<sub>2</sub> (*C<sub>i</sub>*) e transpiração (*E*). A análise de *C<sub>i</sub>* descreve a disponibilidade de dióxido de carbono para o processo fotossintético (DUCAT & SILVER, 2012), sendo que a redução do *C<sub>i</sub>* pode estar relacionada com a ocorrência de limitações estomáticas (CHAVES et al., 2009), uma vez que a resistência estomática e do mesofilo reduzem a concentração de CO<sub>2</sub>, o que pode atingir outras estruturas, como os cloroplastos (MARTINAZZO et al., 2013). Portanto, sob condições de estresse, o *C<sub>i</sub>* tende a uma redução em seus valores, tendo em vista que a condutância estomática é reduzida, limitando assim a entrada de CO<sub>2</sub> através dos estômatos. Tal comportamento foi observado em outros trabalhos realizados em *Prunus* por MARTINAZZO et al. (2011, 2013), Rouhi et al. (2007) e Pimentel et al. (2014); e no presente trabalho foi discretamente verificado na cultivar de ameixeira ‘Marianna 2624’, ao primeiro e segundo dias de estresse para as plantas alagadas e aos quatro e seis dias para o tratamento por déficit hídrico, onde seus valores obtiveram diferença em relação as plantas controle. Comportamento diferente foi observado em plantas do portaenxerto ‘Capdeboscq’ submetidas ao alagamento, onde nos últimos dias de avaliação (terceiro e quarto) obtiveram aumento significativo nos valores de *C<sub>i</sub>*. O mesmo ocorreu em ‘Julior’, nos mesmos dias, porém para o tratamento por déficit hídrico. Segundo Chaves et al. (2009), um aumento de *C<sub>i</sub>* pode ser atribuído a um heterogêneo fechamento estomático e/ou interferência da condutância cuticular, já Rouhi et al. (2007) atribuem tal fato a limitações não-estomáticas. Rouhi et al. (2007) também observaram alta abscisão foliar em genótipos de *Prunus* frente a déficit hídrico e, igualmente ao que ocorreu neste trabalho, os valores de *C<sub>i</sub>* obtiveram aumento significativo nesta condição. Aschan & Pfanz (2003) explicam que limitações não-estomáticas são observadas em condições de estresse severo e alta abscisão foliar e depende diretamente do grau de tolerância do genótipo estudado.

Devido a cutícula ser quase impermeável a água, a maior parte da transpiração foliar (*E*) resulta da difusão de vapor d’água através dos estômatos e

valores de  $E$  dependem de dois fatores principais: i) diferença de concentração de vapor d'água entre os espaços intercelulares das folhas e massa atmosférica externa; e ii) resistência de difusão a esta rota (TAIZ & ZEIGER, 2013). Porém, como já discutido anteriormente, em condições de estresse, as aberturas estomáticas se mantêm pequenas ou fechadas, limitando a entrada de CO<sub>2</sub>, bem como a perda de água. Esse efeito foi constatado em todas as cultivares avaliadas neste experimento, diferindo apenas no tempo de resposta frente ao estresse, tendo em vista o diferente nível de tolerância que cada genótipo apresenta.

A eficiência no uso da água (EUA), também conhecida por razão de transpiração, mede a eficiência das plantas em moderar a perda de água ao mesmo tempo em que permitem a absorção suficiente de CO<sub>2</sub> para a fotossíntese (ROUHI et al., 2007, CHAVES et al., 2009, TAIZ & ZEIGER, 2013). Para plantas em que o primeiro produto estável da fixação de carbono é um composto de três carbonos (plantas C<sub>3</sub>), em condições de cultivo de normoxia, cerca de 400 moléculas de água são perdidas pela transpiração para cada molécula de CO<sub>2</sub> fixada pela fotossíntese (TAIZ & ZEIGER, 2013). Em condições de estresse hídrico, a transpiração é drasticamente diminuída, enquanto que a fotossíntese decai progressivamente, ambos em decorrência da diminuição da condutância estomática, portanto os valores de EUA em plantas submetidas a pressões ambientais tendem a ser maiores, comparados com plantas em condições normais de cultivo (CHAVES et al., 2009). Tal desempenho foi notado para todos os portaenxertos avaliados neste experimento, sendo que para o pessegueiro 'Capdeboscq' em déficit hídrico, nenhum dia de avaliação diferiu estatisticamente das plantas controle, obtendo valores inclusive maiores em alguns dias de estresse.

'Julior' manteve um comportamento sem variações significativas dentro de cada dia de avaliação em relação às plantas controle até o sexto dia de estresse, embora o controle sempre estivesse com valores maiores de EUA, fato explicável devido ao comportamento semelhante observado nos valores de  $A$  e  $E$ , dos quais apenas ao sétimo dia observou-se queda significativa, sendo esses mais pronunciados no tratamento por alagamento. Já para a cultivar Marianna 2624, em nenhum dos dias avaliados a condição controle apresentou maior valor de EUA comparado com alagamento e seca, corroborando os resultados de Pimentel et al. (2014), em experimento realizado com este mesmo portaenxerto. Situações

similares são observadas em outros trabalhos realizados com imposição de estresse hídrico em *Prunus* (ROUHI et al., 2007; MARTINAZZO et al., 2011), bem como outras espécies, como algodão (SINGH et al., 2014) e citros (PANIGRAHI et al, 2014).

A eficiência de carboxilação é uma variável determinada através da análise dos valores de resposta da taxa assimilatória líquida de CO<sub>2</sub> (*A*) em função da variação de sua concentração interna na folha (*C<sub>i</sub>*) e o valor resultante de *A/C<sub>i</sub>* representa a estimativa da eficiência de carboxilação da enzima rubisco (DUCAT & SILVER, 2012). Consequentemente, a medida que a assimilação de CO<sub>2</sub> apresenta diminuição em seus valores, este gás passa a se tornar um dos principais fatores limitantes do processo de eficiência de carboxilação. Na condição de estresse, portanto, com a diminuição da taxa assimilatória líquida (*A*), a função carboxilase da rubisco também sofre queda em sua atividade. Para os três portaenxertos avaliados no presente trabalho ('Capdeboscq', 'Julior' e 'Marianna 2624') pôde-se visualizar tal efeito. Em 'Capdeboscq' e 'Marianna 2624' a diminuição na eficiência de carboxilação foi observada já a partir do primeiro dia para as plantas sob alagamento, em comparação com o controle, sendo que tal comportamento decorreu até o último dia de experimento (quarto dia para 'Capdeboscq' e sétimo dia para 'Marianna 2624'). Para o tratamento por déficit hídrico em 'Capdeboscq' efeitos significativos se pronunciaram a partir do terceiro dia de avaliação, porém para 'Marianna 2624' não houve diferença estatística significativa nos valores em comparação com o controle. Por sua vez, as plantas de 'Julior' sob alagamento e déficit hídrico não apresentaram diferença significativa quando comparado em cada dia e em relação ao controle até o sexto dia de avaliação e, no sétimo dia, os menores valores foram registrados nas plantas sob alagamento. Martinazzo et al. (2011) observaram o mesmo efeito após 10 e 11 dias de estresse por alagamento e déficit hídrico, respectivamente, com o portaenxerto híbrido 'GxN-9' (*Prunus dulcis* Mill. × *Prunus persica* L. Bastsch). Pimentel et al. (2014), ao trabalhar com plantas 'Marianna 2624', não observou tal efeito, o que provavelmente seja explicado pelo fato de que as temperaturas no decorrer do experimento não passaram dos 30°C, muito abaixo das registradas durante a condução do presente experimento.

Analisando em conjunto todos os dados avaliados, foi possível verificar que as cultivares de ameixeira estudadas no presente trabalho apresentaram maior

tolerância ao estresse por alagamento quando comparadas com a cultivar de pessegueiro Capdeboscq. Também foi possível inferir que a resposta ao estresse por déficit hídrico foi mais tardia, o que significa que tais plantas apresentam maior tolerância a tal estresse, quando comparado com o alagamento do solo. Tais resultados demonstram a existência de variabilidade entre genótipos de *Prunus* spp. para condições de déficit hídrico e alagamento, sendo que tais informações podem ser utilizadas para auxiliar no manejo dos pomares e no melhoramento genético de portaenxertos.

## 5 CONCLUSÕES

O estresse por alagamento do sistema radicular demonstra maior severidade nos três portaenxertos de *Prunus* spp. estudados em comparação com o déficit hídrico.

Plantas do portaenxerto de ameixeira ‘Julior’ mostram-se mais tolerantes, tanto ao déficit hídrico quanto ao alagamento quando comparadas com ‘Marianna 2624’ e o pessegueiro ‘Capdeboscq’.

O alagamento imposto a ‘Capdeboscq’ é decisivo para a sobrevivência das plantas, constatando que este portaenxerto é suscetível a tal estresse.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AMADOR, M. L.; SANCHO, S.; BIELSA, B.; GOMES-APARISI, J.; RUBIO-CUBETAS, M. J. Physiological and biochemical parameters controlling waterlogging stress tolerance in *Prunus* before and after drainage. **Physiologia Plantarum**, v.144, p. 357–368, 2012.
- ASCHAN, G.; PFANZ, H. Non-foliar photosynthesis-a strategy of additional carbon acquisition. **Flora**, v.198, n.2, p.81–97, 2003.
- CHAVES, M. M. Photosynthesis under drought and salt stress: regulation mechanisms from whole plant to cell. **Annals of Botany**, v.103, p.551-560, 2009.
- CUNHA, Noel Gomes; SILVEIRA, Ruy José. Costa. **Estudo dos solos do município de Pelotas**. Pelotas, EMBRAPA/CPACT: UFPel, 1996. 50p.
- DOMINGO, R.; PÉREZ-PASTOR, A.; RUIZ-SÁNCHEZ, M.C. Physiological responses of apricot plants grafted on two different rootstocks to flooding conditions. **Journal of Plant Physiology**, v.159, n.1, p.725–732, 2002.
- DREYER, E. Compared sensitivity of seedlings from 3 woody species (*Quercus robur* L. *Quercus rubra* L. and *Fagus sylvatica* L.) to waterlogging and associated root hypoxia: effects on water relations and photosynthesis. **Annals for Forest Science**, v.51, n.1, p.417-229, 1994.
- DUCAT, D. C.; SILVER, P. Improving carbon fixation pathways. **Current Opinion in Chemical Biology**, v.16, n.1, p.1-8, 2012.
- ELSE, M.A., JANOWIAK, F., ATKINSON, C.J., JACKSON, M.B. Root signals and stomatal closure in relation to photosynthesis, chlorophyll a fluorescence and adventitious rooting of flooded tomato plants. **Annals of Botany**, v.103, n.1, p.313-323, 2009.
- EMBRAPA Clima Temperado. **O Cultivo do Pêssego**. Sistemas de Produção, 4. ISSN 1806-9207. Versão Eletrônica, 2005.

FERNER, E.; RENNENBERG, H.; KREUZWIESER, J. Effect of flooding on C metabolism of flood-tolerant (*Quercus robur*) and non-tolerant (*Fagus sylvatica*) tree species. **Tree Physiology**, v.32, n.1, p.135–145, 2012.

FLEXAS, J.; DIAZ-ESPEJO, A.; GALME'S, J.; KALDENHOFF, R.; MEDRANO, H.; RIBAS-CARBO, M. Rapid variations of mesophyll conductance in response to changes in CO<sub>2</sub> concentration around leaves. **Plant, Cell & Environment**, v.30, n.1, p.1284–1298, 2007.

FACHINELLO, J. C.; TIBOLA, C. S.; VICENZI, M.; PARISOTTO, E.; PICOLOTTO, L.; MATTOS, M. L. T. Produção integrada de pêssegos: três anos de experiência na região de Pelotas-RS. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.25, n.2, p. 256-258, 2003.

FACHINELLO, J. C.; BIANCHI, V. J. 2005. **Porta-enxertos para frutas de caroço: banco ativo de germoplasma (BAG) e atividades de pesquisa na UFPel**. In: Simpósio Brasileiro de Recursos Genéticos, 2005, Pelotas. Resumos e Palestras. Pelotas: Embrapa Clima Temperado. v. 1. p. 103-107.

GIL, P. M.; GUROVICH, L.; SCHAFFER, B.; GARCÍA, N.; ITURRIAGA, R. Electrical signaling, stomatal conductance, ABA and Ethylene content in avocado trees in response to root hypoxia. **Plant Signaling & Behavior**, v.4,n.2, p.100-108, 2009.

IBGE. **Banco de dados**. Acessado em 22 de janeiro de 2015. Online. Disponível em: <http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/agric/default.asp?z=t&o=11&i=P>.

ISLAM, M.A., MACDONALD, S.E. Ecophysiological adaptations of black spruce (*Picea mariana*) and tamarack (*Larix laricina*) seedlings to flooding. **Trees**, v.18, n.1, p.35-42, 2004.

KREUZWIESER, J.; RENNENBERG, H. **Molecular and physiological responses of trees to waterlogging stress**.**Plant, Cell and Environment**, v.10, n.1, p.2245-2259, 2014.

MARENCO, R.A.; LOPES, N.F. **Fisiologia vegetal**: fotossíntese, respiração, relações hídricas e nutrição mineral. 2.ed. Viçosa: UFV, 2007. 469p.

MARTINAZZO, E. G., PERBONI, A. T., FARIA, M. E., BIANCHI, V. J.; BACARIN, M. A. Photosynthetic activity in the rootstock of hybrid peach trees submitted to water restriction and flooding. **Brazilian Journal Plant Physiology**, v.23, n.3, p.231-236, 2011.

MARTINAZZO, E. G.; PERBONI, A. T.; OLIVEIRA, P. V.; BIANCHI, V. J.; BACARIN, M. A. Atividade fotossintética em plantas de ameixeira submetidas ao déficit hídrico e ao alagamento. **Ciência Rural**, v.43, n.1, p.35-41, 2013.

MESSCHMIDT, Aline Alves. **Respostas fisiológicas induzidas por estresse hídrico e infecção por *Meloidogyne javanica* (Treub) Chitwood em portaenxertos de *Prunus* spp.** 2014. 68 f. Dissertação (Mestrado em Fisiologia Vegetal) – Instituto de Biologia, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2014.

NAKASHIMA, K.; YAMAGUCHI-SHINOZAKI, K.; SHINOZAKI, K. The transcriptional regulatory network in the drought response and its crosstalk in abiotic stress responses including drought, cold, and heat. **Frontiers in Plant Science**, v.5, n.170, p.1-7, 2014.

NICOLÁS, E.; TORRECILLAS, A.; DELL'AMICO, J.; ALARCÓN, J. J. The effect of short-term flooding on the sap flow, gas exchange and hydraulic conductivity of young apricot trees. **Trees**, v.19, n.1, p.51–57, 2005.

OUKARROUM, A.; SCHANSKER, G.; STRASSER, R. J. Drought stress effects on photosystem I content and photosystem II thermotolerance analyzed using Chl a fluorescence kinetics in barley varieties differing in their drought tolerance. **Physiologia Plantarum**, v.137, n.2, p.188-199, 2009.

PANIGRAHI, P.; RAMAN, K. V.; SHARMA, R. K. Sensing Tree for Yield Forecasting under Differential Irrigation. **International Journal of Research in Agriculture and Forestry**, v.1, n.2, p.23-30, 2014.

PEZESHKI, S.R., PARDUE, J.H., DELAUNE, R.D. Leaf gas exchange and growth of flood-tolerant and flood-sensitive tree species under low soil redox conditions. **Tree Physiology**, v.16, n.1, p.453–458, 1996.

PIMENTEL, P.; ALAMADA, R. D.; SALVATIERRA, A.; TORO, G.; ARISMENDI, M. J.; PINTO, M. T.; SAGREDO, B.; PINTO, M. Physiological and morphological responses of *Prunus* species with different degree of tolerance to long-term root hypoxia. **Scientia Horticulturae**, v.180, n.1, p.14-23, 2014.

PISTELLI, L.; LACONA, C.; MIANO, D.; CIRLLI, M.; COLAO, M. C.; MENSUALI-SODI, A.; MULEO, R. Novel *Prunus* rootstock somaclonal variants with divergent ability to tolerate waterlogging. **Tree Physiology**, v.32, n.1, p.355-368, 2012.

ROUHI, V.; SAMSON, R.; LEMEUR, R.; DAMME, P. V. Photosynthetic gas exchange characteristics in three different almond species during drought stress and subsequent recovery. **Environmental and Experimental Botany**, v.59, n.1, p.117-129, 2007.

TAIZ, L.; ZEIGER, E. **Fisiologia vegetal**. 5.ed. Porto Alegre: Artmed, 2009. 918p.

## CAPÍTULO 2

### **Perfil transcriptômico e expressão diferencial de fatores de transcrição, obtidos por sequenciamento massivo de RNA (RNA-Seq), em folhas de *Prunus persica* submetidos ao alagamento**

#### **1 INTRODUÇÃO**

O gênero *Prunus* é composto de pequenos arbustos e árvores, onde nele estão inseridas muitas espécies produtoras de frutos (a exemplo de pessegueiro, amendoeira, cerejeira e damasqueiro), sendo que o pêssego [*Prunus persica* (L.) (Batsch)] aparece com grande importância comercial e econômica em todo o mundo (MARTINAZZO et al. 2013; PERVAIZ et al., 2015; ZHU et al, 2015). No Brasil, o Estado do Rio Grande do Sul se destaca por ser o maior produtor nacional de pêssegos, contudo apresenta produtividade baixa de seus pomares ( $\approx 10 \text{ t ha}^{-1}$ ), enquanto que, no mesmo período, estados como São Paulo e Minas Gerais apresentaram médias acima de  $20 \text{ t ha}^{-1}$  (IBGE, 2015).

Segundo Pistelli et al. (2012), plantas cultivadas estão constantemente expostas a muitos fatores (bióticos e abióticos) desencadeadores de estresse, os quais podem ser limitantes para a produtividade e qualidade dos produtos colhidos. Sendo assim, um dos fatores que pode contribuir para se obter o sucesso no cultivo de espécies frutíferas é a utilização de mudas de qualidade genética e sanitária (certificadas) e portaenxertos adequados, bem adaptados às condições edafoclimáticas da região, e com resistência a pragas e doenças de solos (FACHINELLO & BIANCHI, 2005). No contexto de estresse abiótico, um dos principais fatores limitantes ao cultivo de frutíferas de caroço no Estado é o estresse hídrico por alagamento, o qual é decorrente de períodos de excesso de chuva, sendo que este muitas vezes coincide com uma das principais fases de desenvolvimento vegetal e crítica para a produtividade: o florescimento e início da brotação (MARTINAZZO et al., 2013).

As pronunciadas mudanças climáticas globais vêm acometendo diretamente o clima no Mundo e afetando drasticamente a quantidade e distribuição de precipitação pluviométrica durante o ano (KREUZWIESER & RENNENBERG, 2014). Quando grande volume de precipitações pluviométricas ocorrem em solos com

problemas de drenagem, estas podem provocar a inundação do solo e, consequentemente, restringir o ambiente ao desenvolvimento de culturas vegetais, como as de frutas de caroço, em diversas regiões do mundo (PIMENTEL et al., 2014).

O alagamento resulta na falta de oxigênio no solo, uma vez que os poros do solo contendo ar são preenchidos pela água (KREUZWIESER & RENNENBERG, 2014) e o escasso oxigênio ainda existente é rapidamente consumido pelas raízes e microrganismos (BAILEY-SERRES & VOESENEK, 2008; KREUZWIESER & RENNENBERG, 2014; PIMENTEL et al., 2014). Sob estresse por alagamento, uma série de eventos fisiológicos são afetados, como por exemplo, a assimilação de CO<sub>2</sub>, redução da respiração, metabolismo fermentativo, produção de ATP inadequada e produção de espécies reativas de oxigênio (ERO) (TAIZ & ZEIGER, 2013). Tais eventos são modulados por uma série de mecanismos moleculares, os quais são responsáveis pela expressão/repressão de inúmeros genes, o que permite que as plantas possam se proteger e/ou adaptar a condições adversas (MA et al., 2015). A regulação gênica em nível transcricional é um dos principais pontos de controle dos processos fisiológicos, sendo que os fatores de transcrição (TFs) desempenham papel fundamental nesse processo (ITO et al., 2012; SHIRIGA et al., 2014).

TFs são fatores genéticos chave que regulam a expressão de genes, onde membros das famílias MYB, AP2/ERF, NAC e WRKY, são reconhecidos como os primeiros a agir frente a diversas condições ambientais e modulam a expressão de inúmeros genes responsivos a estresses abióticos e bióticos. Nos últimos anos, muitos estudos têm demonstrado que a expressão diferencial de TFs, condição obtida via indução por elicitores e/ou engenharia genética de plantas cultivadas, tem sido utilizado como uma abordagem poderosa para se obter maior tolerância frente estresses abióticos (KREUZWIESER & RENNENBERG, 2014; SHIRIGA et al., 2014; XIONG et al., 2014).

Atualmente, com o advento das novas tecnologias de sequenciamento de bases nucleotídicas [NGS (*Next Generation Sequencing*)] e o aumento das bases de dados de genes de plantas e outros fatores genéticos envolvidos na regulação da expressão de caracteres de interesse agronômico tem sido exponencial, com um grande número de novos genomas sequenciados e provando-se ser uma ferramenta valiosa na genômica e transcriptômica de uma ampla gama de organismos

(TRAPNELL et al., 2012; RODAMILANS et al., 2014; YANG et al. 2015; ZHU et al., 2015).

Na transcriptômica, a tecnologia *NGS* tem sido utilizada no sequenciamento massivo de transcritos, permitindo uma análise global de todo o transcriptoma avaliado e, assim, a diferenciação por metodologias estatísticas de genes com expressão induzida ou reprimida sob determinadas condições experimentais. A compreensão do transcriptoma se faz essencial para a melhor interpretação dos elementos funcionais do genoma sob determinadas condições e tecido (ou células), revelação de seus constituintes moleculares, e também para a compreensão de mecanismos envolvidos na defesa da planta frente a situações de estresses bióticos e abióticos (WANG et al., 2009, ZHU et al., 2015). Por meio da transcriptômica é possível catalogar todas as espécies de transcrição; determinar a estrutura de transcrição dos genes, os padrões de *splicing* alternativo e outras modificações pós-transcpcionais. Uma das principais aplicações da *NGS* na transcriptômica é quantificar as mudanças nos níveis de expressão de genes de genomas, sequenciados ou não, sob diferentes condições e estágios de desenvolvimento (WANG et al., 2009; TRAPNELL et al. 2012; SOCQUET-JUGLARD et al., 2013).

Segundo Wang et al. (2009), o sequenciamento massivo de RNA (RNA-Seq) possui vantagens claras sobre abordagens existentes e foi criado para revolucionar a maneira pela qual transcriptomas eucarióticos são analisados. Em suma, a tecnologia de RNA-seq permite obter uma população de RNA que é convertida para uma biblioteca de fragmentos de cDNA com adaptadores ligados a uma ou ambas as extremidades. Cada molécula, com ou sem amplificação, é então submetida ao sequenciamento de suas extremidades, obtendo-se um elevado rendimento ao final do sequenciamento. Após o sequenciamento, iniciam-se os trabalhos de bioinformática, com o auxílio de vários programas computacionais e pacotes estatísticos, a exemplo do ‘R’ (TRAPNELL et al., 2009; TRAPNELL et al., 2010; LIU et al., 2012) para a montagem dos transcriptomas e posterior possibilidade de avaliação da estrutura da transcrição e dos níveis de expressão dos genes (WANG et al., 2009). Sendo assim, o RNA-Seq vem se consolidando como mais eficiente e acurada tecnologia, quando comparada à de microarranjos, na identificação de genes associados a características de interesse, com aplicabilidade em estudos de fisiologia molecular e em programas de melhoramento genético de plantas.

Utilizando RNA-Seq, diversos estudos já foram realizados visando descrever os perfis transcricionais diferenciais em *Prunus* spp. sob estresse por déficit hídrico (ELDEM, et al., 2012), estresses bióticos (SOCQUET-JUGLARD et al., 2013; RODAMILANS et al., 2014), em diferentes estádios de desenvolvimento (LUO et al., 2013; ZHOU et al., 2014; ZHU et al., 2015) e sob alagamento (SEPULVEDA, 2014), sendo este último executado em raízes. Entretanto, até o momento, nenhum estudo descrevendo o perfil transcripcional em folhas de *Prunus* spp. sob estresse por alagamento é relatado com o uso de RNA-seq.

À vista disso, o presente trabalho teve por objetivo obter e avaliar o perfil transcripcional, bem como a expressão diferencial de genes codificadores de fatores de transcrição em folhas de plantas de pessegueiro (*Prunus persica*) cultivar Capdeboscq submetidos ao estresse por alagamento durante 48 horas, através do uso da técnica de sequenciamento massivo de RNA (RNA-Seq).

## **2 MATERIAL E MÉTODOS:**

### **2.1 Material vegetal**

Plantas de pessegueiro [*Prunus persica* (L.) Bascth], cultivar Capdeboscq, propagadas por estaquia, foram cultivadas em vasos com capacidade de cinco litros, contendo solo de pomar do Centro Agropecuário da Palma (argissolo vermelho amarelo distrófico típico) e mantidas em casa de vegetação com temperatura controlada. Quando as plantas apresentavam 10 meses de idade, foi iniciado o experimento, o qual consistiu na indução de estresse hídrico por alagamento, mantendo-se uma lâmina d'água de aproximadamente três centímetros acima do nível do solo e um grupo de plantas controle, as quais eram irrigadas diariamente. Baseados em ensaios prévios que determinaram a evolução da queda da condutância estomática nas plantas desta cultivar sob estresse, aos dois dias de estresse por alagamento foi efetuada a coleta de folhas jovens e completamente expandidas de ambos tratamentos (controle e alagamento), as quais foram imediatamente acondicionadas em nitrogênio líquido e posteriormente armazenadas em ultrafreezer até a extração do RNA.

## **2.2 Preparo de cDNA e sequenciamento**

Para a extração do RNA total, todo o material necessário para o procedimento foi autoclavado por 40 minutos. Materiais como gral e pistilo, foram previamente lavados com água DEPC 0,01% ativada e, posteriormente, autoclavados, também por 40 minutos. Todas as soluções foram feitas com água DEPC 0,01% autoclavada e, após, também autoclavados por 40 minutos.

Para a obtenção do RNA total, foi macerado 100 mg de material vegetal com Nitrogênio líquido até obtenção de um pó fino. O macerado foi então transferido para tubos de polipropileno de 1,5 mL, acrescentado-se 500 µL do reagente *Plant RNA Reagent Purelink®* (Life Technologies) e as amostras foram então mantidas por 5 minutos a temperatura ambiente. Após este período, foram imediatamente centrifugadas por 15 minutos a 12.000g e temperatura ambiente. O sobrenadante resultante desta etapa foi transferido para um novo tubo, no qual foi adicionado 100 µL de NaCl 5M ao extrato, seguido de homogeneização em vórtex. Após, adicionou-se 300 µL de clorofórmio gelado, e o extrato foi então misturado por inversão do tubo e imediatamente centrifugado por 10 minutos a 12.000g em temperatura de 4 °C para a separação das fases aquosa e orgânica.

A fase superior aquosa foi transferida para um novo tubo, adicionado igual volume de isopropanol, sendo que tal volume é ajustado perante o volume recuperado do sobrenadante, e os extratos misturados por inversão dos tubos, o qual permaneceu em descanso a temperatura ambiente por 10 minutos. Passado este tempo, as amostras foram centrifugadas por 10 minutos a 12.000 g, em temperatura de 4 °C, e a fase superior aquosa resultante foi vertida cuidadosamente para não perder o *pellet* obtido, que ficou aderido a parede do tubo. Para a lavagem final do *pellet*, foi adicionado 1 mL de etanol 75% e os tubos centrifugados por 3 minutos a 12.000 g e temperatura ambiente. O líquido foi, então, vertido e os tubos novamente centrifugados, dessa vez por 1 minuto nas mesmas condições, apenas para a coleta do líquido residual com o auxílio de uma micropipeta. As amostras foram secadas por aproximadamente 5 minutos em câmara de fluxo laminar. O RNA foi dissolvido com a adição de 30 µL de água DEPC 0,01% autoclavada, homogeneizadas em vortex e armazenadas em ultrafreezer. A integridade do RNA total foi verificada em gel de agarose a 1% e a quantidade e pureza mensuradas em NanoDrop ND-1000® (GE Healthcare™).

As amostras foram aliquotadas a uma concentração de 80 ng/ $\mu$ L<sup>-1</sup> e, posteriormente, enviadas para sequenciamento, o qual foi realizado no Laboratório de Biotecnologia da Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” – USP, São Paulo, Brasil.

As bibliotecas foram preparadas por meio do kit TruSeq RNA Sample Preparation® V 2 (Illumina™), segundo recomendações do fabricante. A qualidade das bibliotecas foi avaliada com o equipamento Agilent 2100 BioAnalyzer® (Agilent Technologies™) utilizando o kit Agilent DNA 1000® (Agilent™). O sequenciamento das bibliotecas foi do tipo *pair-end* 2x100pb realizado na plataforma HiSeq 2500® (Illumina™).

### **2.3 Análise da qualidade e limpeza das reads**

A análise de qualidade das bases das *reads*, de cada biblioteca, foi realizada no software FastQC (Babraham Bioinformatics) (<http://www.bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc/>). Após, o software Trimmomatic (BOLGER et al., 2014) foi utilizado para a remoção tanto das bases com baixa qualidade como dos possíveis adaptadores presentes nas bibliotecas. Concluída a remoção de adaptadores e bases de baixa qualidade, a análise de qualidade foi realizada novamente (figura 1).

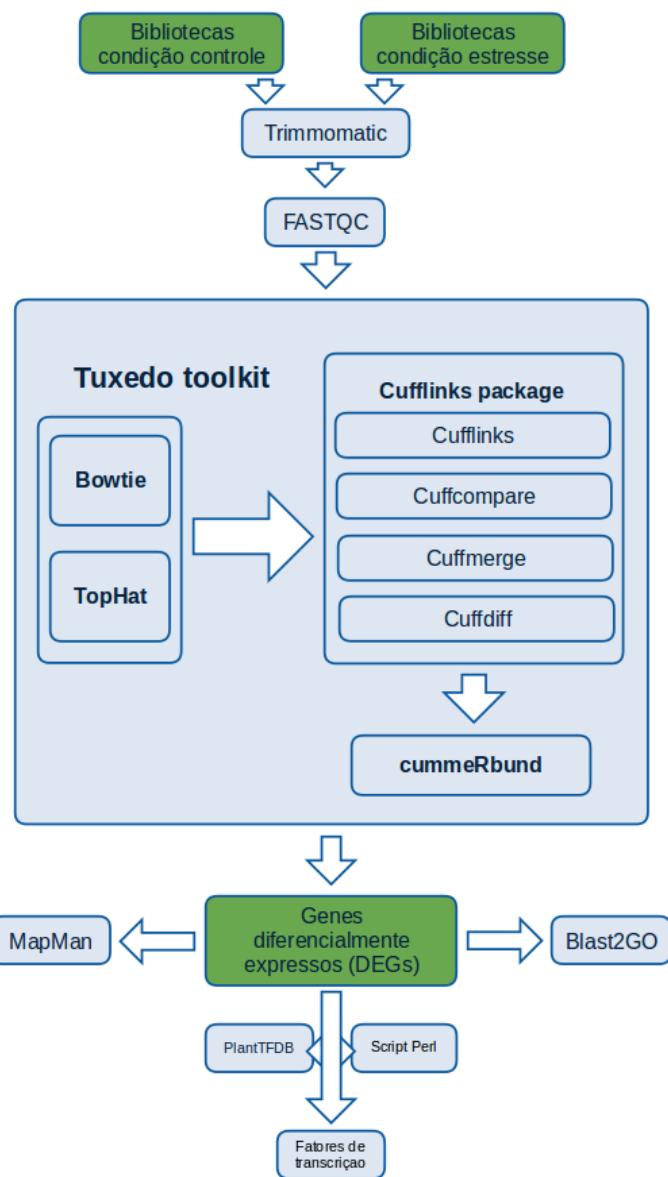
### **2.4 Identificação de genes diferencialmente expressos (DEGs)**

O mapeamento das *reads* sob o genoma de referência (*Prunus persica*), obtido a partir do Genome Database for Rosaceae [GDR ([ftp://ftp.bioinfo.wsu.edu/species/Prunus\\_persica/Prunus\\_persica-genome.v1.0/](ftp://ftp.bioinfo.wsu.edu/species/Prunus_persica/Prunus_persica-genome.v1.0/))], foi realizado com o software TopHat Ver. 2.0.11 (TRAPNELL et al., 2009). Após o mapeamento, foi realizada a junção das sequências (*assembling* das *reads*) mapeadas para obtenção de fragmentos com o software Cufflinks<sup>1</sup> Ver. 2.1.1 (TRAPNELL et al., 2010). Os arquivos oriundos do Cufflinks foram usados para obtenção de um transcriptoma único, seguido da análise de identificação dos genes diferencialmente expressos pelo Cuffdiff e CummeRbund (GOFF et al., 2012). Os genes diferencialmente expressos (DEGs) foram identificados com o teste estatístico presente no pacote Cuffdiff (com base no p-value ajustado com valor inferior a 0.05). A partir da detecção dos DEGs, estes foram submetidos a análises de anotação

---

<sup>1</sup> Consultar apêndice 1.

gênica no software MapMan Ver.3.6 (USADEL et al., 2009) e Blast2GO (CONEZA et al., 2005). Posteriormente, identificamos os fatores de transcrição (TFs) expressos (diferencialmente expressos e não) com base no banco de dados de fatores de transcrição (TFs) de *Prunus persica* do PlantTFDB Ver. 3.0 (JIN et al., 2014) empregando um script Perl customizado (figura 1).



**Figura 1.** Fluxograma de análise das bibliotecas de RNA-seq.

Com base nos resultados obtidos nas análises de MapMan e Blast2GO, bem como da expressão de fatores de transcrição, foi dado início ao trabalho de

identificação e discussão de genes expressos responsivos ao estresse por alagamento e procurar correlacionar suas funções atribuídas a possíveis respostas fisiológicas apresentadas pela planta.

### **3 RESULTADOS:**

#### **3.1 Sequenciamento do transcriptoma e alinhamento contra o genoma de referência de *Prunus persica***

Os resultados globais de alinhamento de *reads* das condições controle e estresse por alagamento na cultivar de pêssego Capdeboscq, considerada suscetível à hipoxia, contra o genoma de referência de *Prunus persica* são apresentados na tabela 1. O alinhamento foi realizado após a remoção dos adaptadores e análise de qualidade das *reads*. O tipo de sequenciamento foi de *pair-end* de 100 bases, ou seja, sequenciamento de ambas as extremidades dos cDNAs com tamanho de 100 bases em cada extremidade. Um total de 9,8M – 11,7M (esquerda) e 9,5M – 11,2M (direita) *reads* foram submetidas ao alinhamento contra o genoma de referência, sendo que destas 84,9 – 96,7% (esquerda) e 79,8 – 93,3% (direita) foram mapeadas. Para valores totais (esquerda e direita) foram mapeadas 82,3 – 95% *reads*, porém 4,7 – 30,5% do total de *reads* das bibliotecas apresentaram múltiplos alinhamentos (tabela 1). O parâmetro de multialinhamento é um impedimento significante em estudos transcriptômicos que empregam metodologia de sequenciamento de *reads* curtas, sendo uma das principais fontes de erros e redução de cobertura nestes estudos. Tal parâmetro é influenciado tanto pelo comprimento quanto pela complexidade das *reads* e, para reduzir vieses, foi optado pela exclusão de tais *reads* (multialinhadas) das análises posteriores.

#### **3.2 Análise global de expressão gênica**

Com o emprego da tecnologia de RNA-Seq neste estudo, foi possível a elucidação dos genes expressos e diferencialmente expressos (DEGs) para o estresse por alagamento em comparação com as plantas controle.

Para a condição controle 18.923 genes foram expressos, enquanto que para a condição de estresse por alagamento, ocorreu a expressão de 19.502 genes. O metabolismo de ‘Capdeboscq’ foi alterado em vários dos níveis, distinguindo os

**Tabela 1.** Resultados de mapeamento de *reads* para as condições controle e estresse por alagamento da cultivar Capdeboscq (*Prunus persica*).

Bib.	Condição	Esquerda			Direita			Total	
		Input	Mapeados	Multimapeados	Input	Mapeados	Multimapeados	Mapeados	Multimapeados*
Pp1C	Controle	11962841	10,1 M (84,9%)	3,17 M (31,3%)	11962841	9,5 M (79,8%)	2,9 M (31,0%)	82,3%	30,5%
Pp2C	Controle	11319709	10,9 M (96,7%)	0,84 M (7,7%)	11319709	10,5 M (93,3%)	0,70 M (6,7%)	95,0%	4,7%
Pp3C	Controle	11078462	10,6 M (96,2%)	0,91 M (8,6%)	11078462	10,2 M (92,8%)	0,78 M (7,6%)	94,5%	5,8%
Pp1A	Estresse	11443359	10,9 M (96,0%)	0,94 M (8,6%)	11443359	10,5 M (92,4%)	0,80 M (7,6%)	94,2%	5,8%
Pp2A	Estresse	10355728	9,8 M (95,2%)	0,95 M (9,7%)	10355728	9,5 M (91,8%)	0,82 M (8,7%)	93,5%	6,8%
Pp3A	Estresse	12144891	11,7 M (96,4%)	0,88 M (7,5%)	12144891	11,2 M (92,9%)	0,73 M (6,5%)	94,7%	4,7%

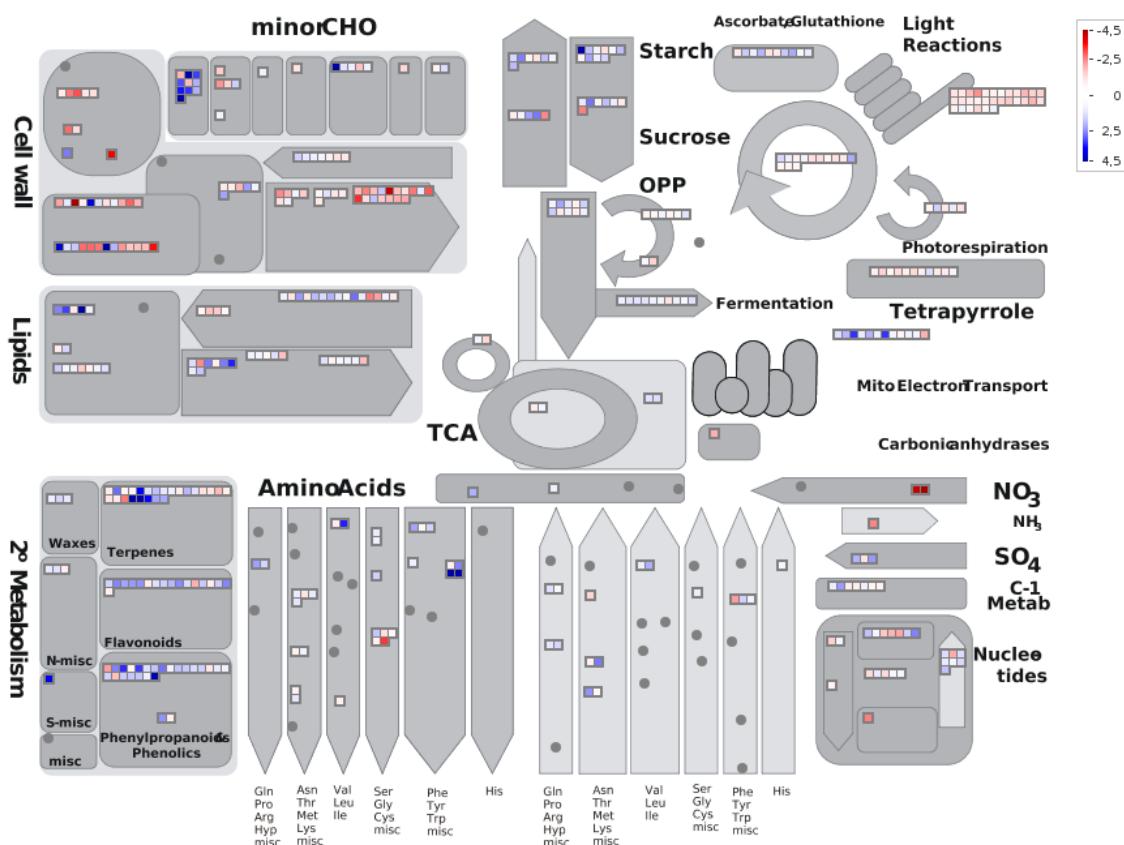
**Nota:** *Reads* multimapeadas foram excluídos da análise.

processos metabólicos entre os DEGs que aumentam sua expressão (*up-regulated*) e os que diminuem sua expressão (*down-regulated*) em relação ao controle. Nesta análise, foram encontrados 2.971 DEGs<sup>2</sup>, sendo que 1.559 *up-regulated* e 1.412 *down-regulated*.

### 3.3 Anotação funcional de genes diferencialmente expressos (DEGs)

A anotação funcional dos DEGs de ‘Capdeboscq’ sob estresse por alagamento foi realizada de duas maneiras: através do software MapMan, para uma visão global sobre o metabolismo alterado, e através da anotação funcional de termos GOs (Gene Ontology) pelo software Blast2GO.

A anotação funcional pelo software MapMan possibilitou uma visão geral sobre o metabolismo alterado, com 452 (15,23%) pontos visualizados de um total de 2.967 DEGs mapeados (figura 2).



**Figura 2.** Visão geral do metabolismo alterado através do software MapMan para o estresse sob 48 horas por alagamento em *Prunus persica* cultivar Capdeboscq. Nota: cada quadrado representa um transcrito expresso e a intensidade da cor o nível de expressão do mesmo, em cada evento metabólico ou compartimento subcelular.

<sup>2</sup> Consultar apêndice 2.

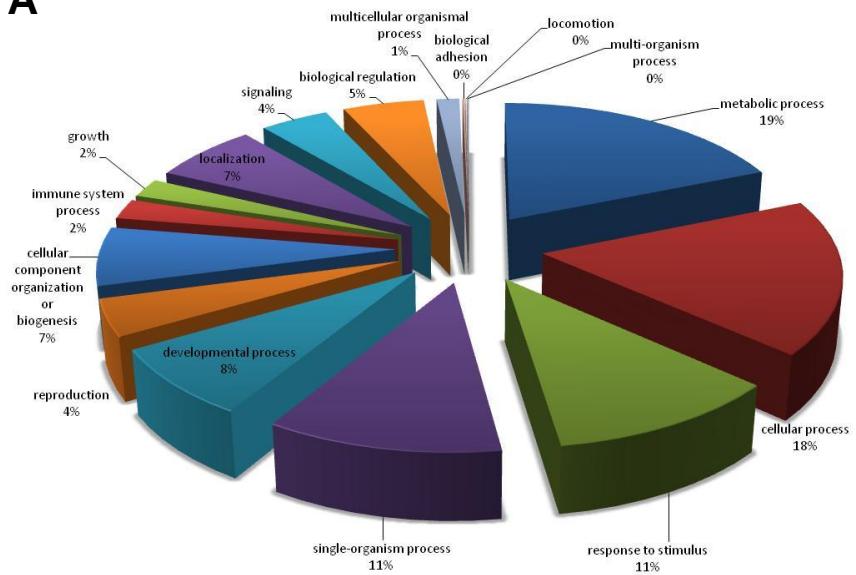
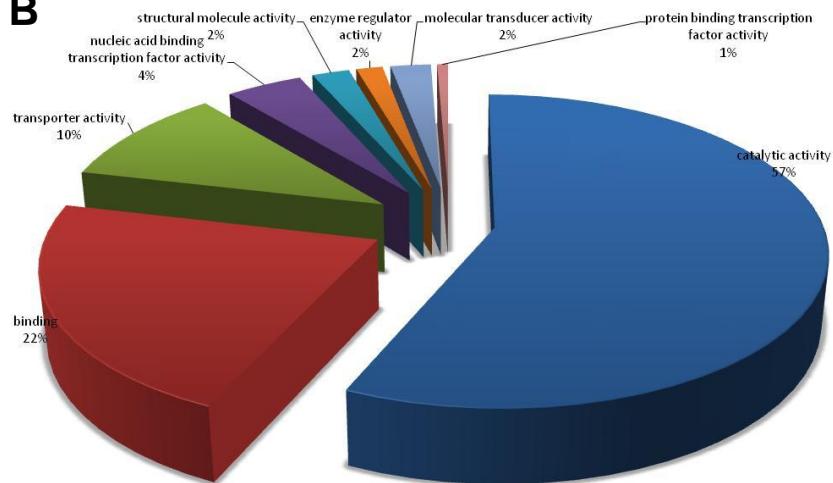
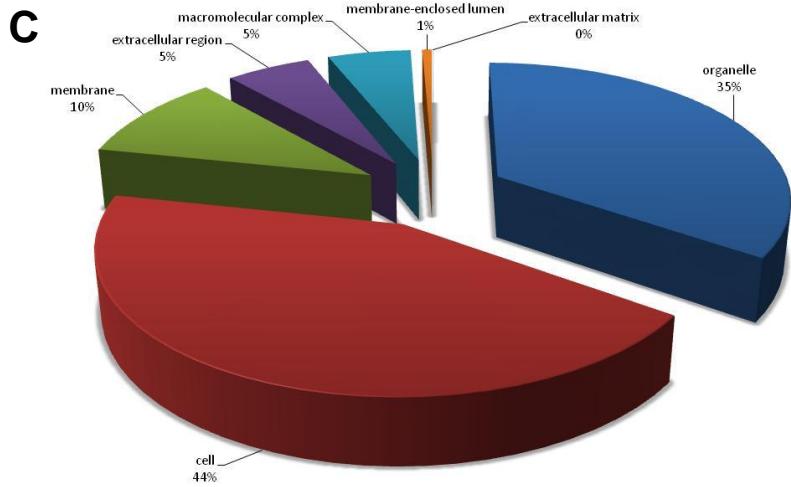
Os principais processos *up-regulated* foram os relacionados com metabolismo secundário, de lipídeos, açúcares e moléculas tetrapirrólicas. Já para os *down-regulated*, apresentaram destaque as reações luminosas, fotorrespiração, metabolismo do nitrato e parede celular (figura 2).

O software MapMan possibilita uma rápida visualização e detalhamento de conjuntos gênicos e rotas metabólicas afetadas pela condição fisiológica das plantas sob estudo, entretanto esta ferramenta não se apresenta de uma maneira eficaz para a interpretação de amplos conjuntos de dados e também sob conjuntos de genes que apresentam anotação mais recente. Dessa forma, a anotação funcional através de termos GOs proporciona uma elucidação dos processos celulares alterados com maior acurácia. Sendo assim, optou-se por empregar a anotação de termos GOs e, posteriormente, detecção de termos sobrerepresentados no conjunto de DEGs.

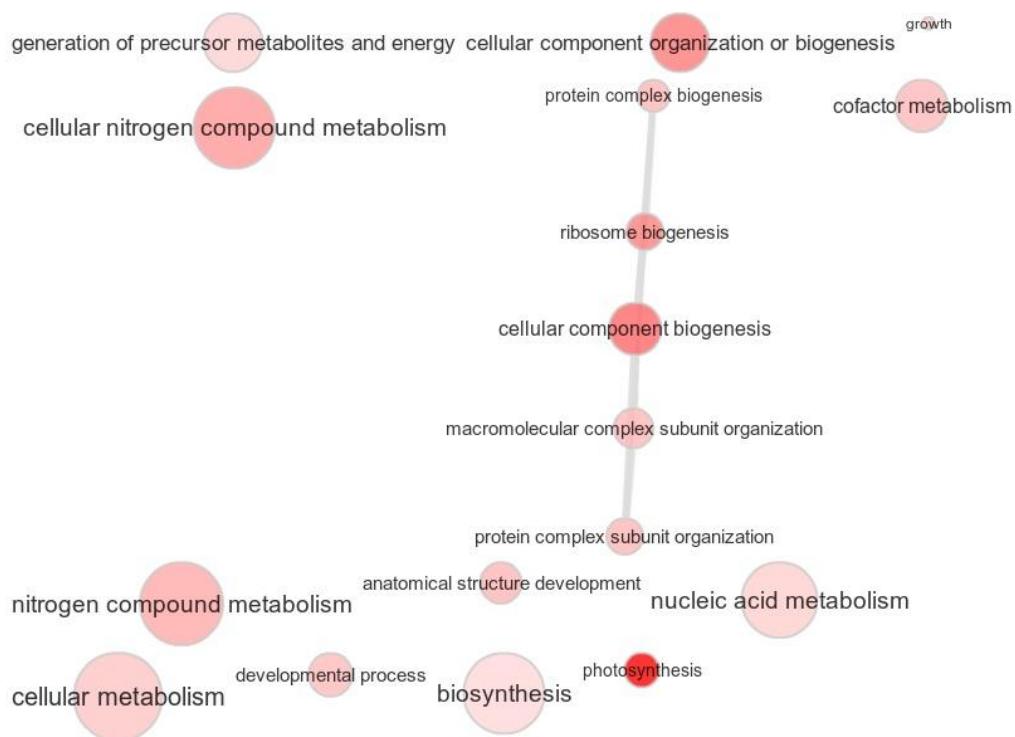
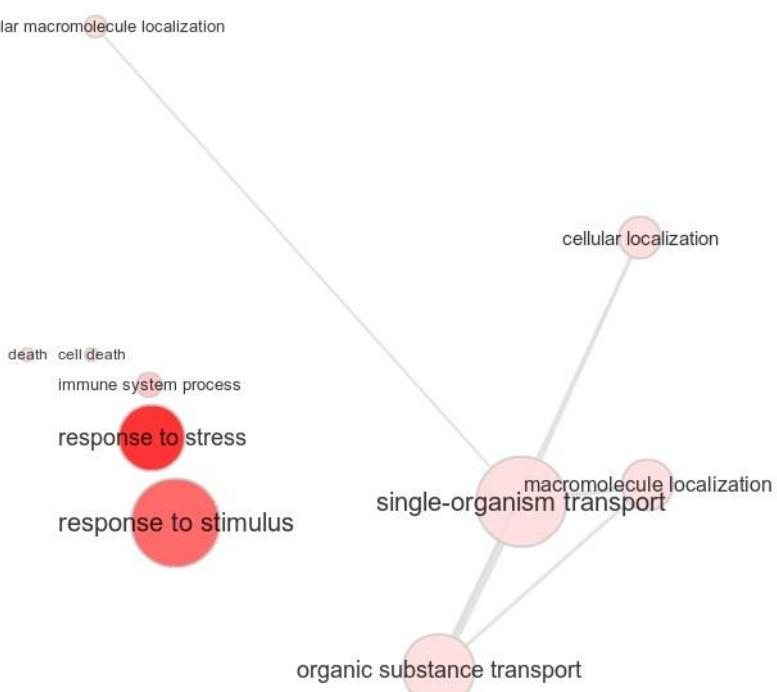
A visualização geral dos resultados de anotação gênica pelo software Balst2GO foi realizada em três classes ontológicas: processos biológicos, componentes celulares e função molecular, ao nível dois de estrutura hierárquica (figura 3). Dentre os 2.964 DEGs, 1.905 foram anotados funcionalmente, sendo 962 *up-regulated* e 943 *down-regulated*.

Para processos biológicos (figura 3A) os termos GO foram anotados em 16 categorias, sendo que a maioria dos termos estão relacionados a processos metabólicos (19%), seguido de processos celulares (18%), resposta a estímulos (11%) e processos singulares de organismos (11%). Quanto à função molecular (Figura 3B) a anotação resultou em oito categorias, onde os termos GO estão referenciados principalmente a atividade catalítica (57%), seguido de ligação (22%) e associadas à transporte (10%). Em relação aos componentes celulares (Figura 3C), os termos GO foram anotados em seis categorias, sendo a maioria para célula (âmbito geral - 44%), seguido de 35% nas organelas e 10% nas membranas.

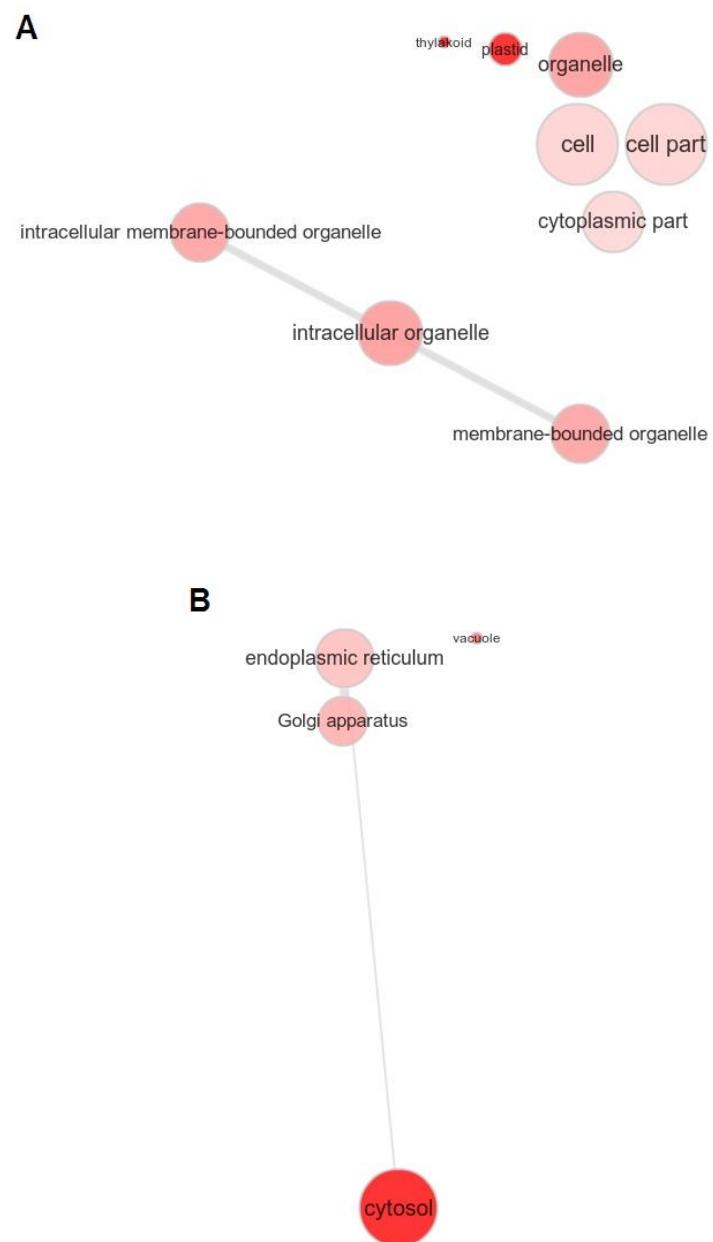
Os resultados da análise de enriquecimento de termos GOs sobrerepresentados das classes ontológicas de processos biológicos e componentes celulares dos DEGs regulados positivamente e negativamente foram representados em forma de uma rede de interação entre GOs, pela web ferramenta REViGO. A classe ontológica de função molecular, após a análise de enriquecimento, não apresentou funções sobrerepresentadas significativas (figura 4 e 5).

**A****B****C**

**Figura 3.** Classificação ontológica de genes diferencialmente expressos em folhas de pêssego ‘Capdeboscq’ (*Prunus persica*) sob 48 horas de estresse por alagamento: A- Processos biológicos, B- Função molecular, C- Componentes celulares.

**A****B**

**Figura 4.** Representação gráfica de interação dos termos GOs sobrerepresentados para a classe ontológica de processos biológicos. Tamanho dos círculos indica a frequência do termo GO e intensidade da cor indica significância. Nota: A- resultados para os DEGs *down-regulated*, B - resultados para os DEGs *up-regulated*.



**Figura 5.** Representação gráfica de interação dos termos GOs sobrerepresentados para a classe ontológica de componentes celulares. Tamanho dos círculos indica a frequência do termo GO e intensidade da cor indica significância. Nota: A- resultados para os DEGs *down-regulated*, B - resultados para os DEGs *up-regulated*.

Para a classe ontológica de processos biológicos *down-regulated*, os processos sobrerepresentados estão relacionados com a fotossíntese (GO:0015979), biogênese de compostos celulares (GO:0044085), biogênese ou organização de componentes celulares (GO:0071840), biogênese de ribossomos (GO:0042254) e metabolismo de compostos nitrogenados celulares (GO:0034641).

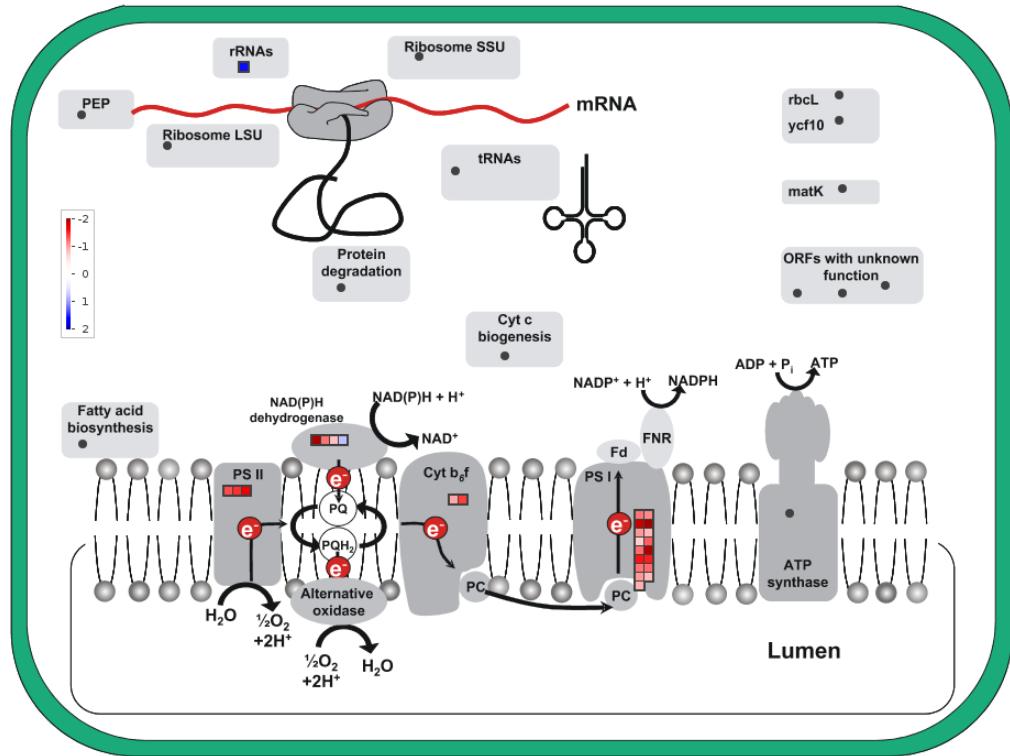
(figura 4 - A). Já os *up-regulated*, da mesma classe ontológica, os principais processos foram relacionados com respostas ao estresse (GO:0006950), resposta a estímulos (GO:0050896), transporte de substâncias orgânicas (GO:0071702) e transportes singulares de organismos (GO:0044765) (figura 4 - B).

A classe de componentes celulares para os DEGs *down-regulated* apresentou alteração nos processos relacionados principalmente com plastídios (GO:0009536), tilacóides (GO:0009579), organelas (GO:0043226) e organelas intracelulares (GO:0043229) (figura 5 - A). Os DEGs *up-regulated*, para a mesma classe, apresentaram seus processos relacionados com citosol (GO:0005829), vacúolo (GO:0005773), retículo endoplasmático (GO:0005783) e aparelho de Golgi (GO:0005794) (figura 5 - B).

### **3.4 Genes da fotossíntese alterados sob estresse por alagamento**

Dentre os diferentes metabolismos das células vegetais, a fotossíntese é a que apresenta papel chave no metabolismo energético, pois desempenha a importante função de fixação de carbono, o qual é essencial para o armazenamento de energia, seja na forma de açúcares reduzidos ou não, ou na forma de amido. Quando em condições de estresse biótico ou abiótico, a fotossíntese está entre os primeiros metabolismos alterados, e a elucidação deste metabolismo em condições estressantes faz-se importante para a compreensão do metabolismo fisiológico em geral.

Portanto, por apresentar maior destaque nas análises anteriores, foi realizado um detalhamento nas reações luminosas, onde foi possível a melhor visualização do metabolismo alterado no decorrer da cadeia transportadora de elétrons da fotossíntese (figura 6). A figura demonstra que os transcritos relacionados com as reações luminosas foram praticamente todos regulados negativamente, desde proteínas do fotossistema II (*ppa009670m*), sistema de coleta de luz ('LHC' - *Light-Harvesting-Complex*) (*ppa010066m*), passando pelas NAD(P)H desidrogenases (*ppa012521m*), citocromo b<sub>6</sub>f (*ppa013368m*), até proteínas relacionadas com o fotossistema I (*ppa013313m*), o qual apresentou mais transcritos *down-regulated* neste estudo. Os transcritos acima citados correspondem aos que obtiveram regulação mais negativa, ou seja, os mais afetados perante o estresse por alagamento.

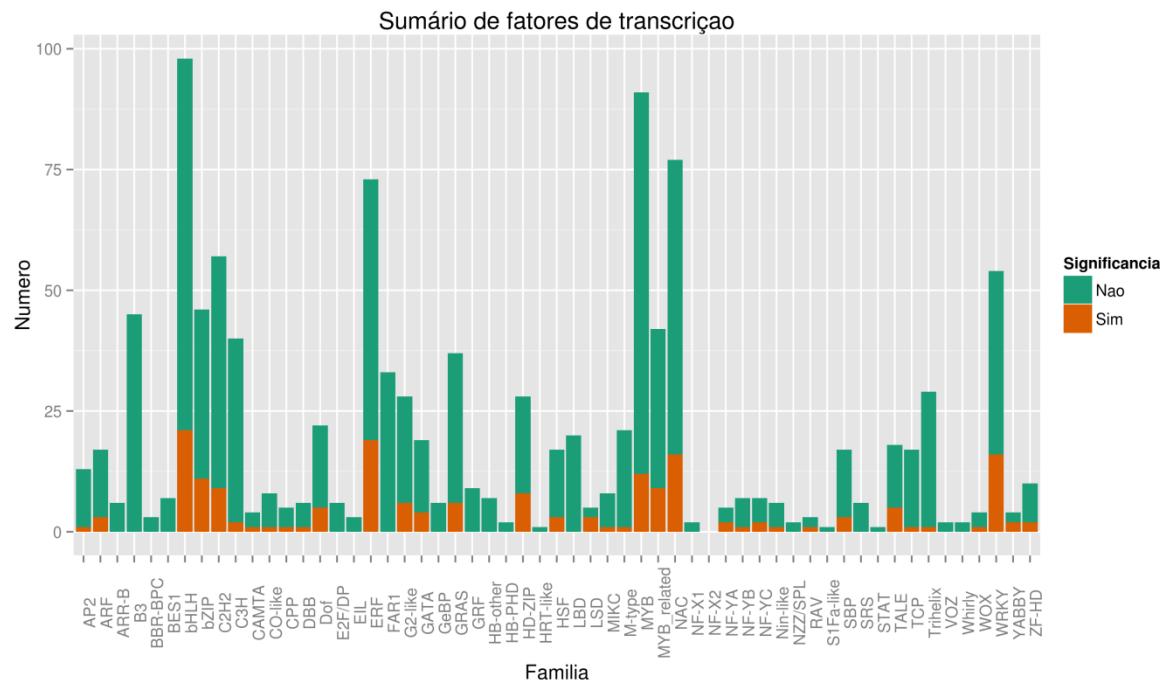


**Figura 6.** Detalhamento das alterações no metabolismo da cadeia transportadora de elétrons da fotossíntese em folhas de plantas de *Prunus persica* cv. Capdeboscq, após 48 horas de estresse por alagamento, por meio do software MapMan.

### 3.5 Fatores de Transcrição (TFs) expressos e diferencialmente expressos

Fatores de transcrição (TFs) desempenham papéis centrais na expressão de genes, atuando na modulação de sua expressão. Portanto, o estudo de TFs expressos nas mais diferentes condições ambientais configura um conhecimento chave para desvendar possíveis modificações na expressão de genes responsivos a tais condições.

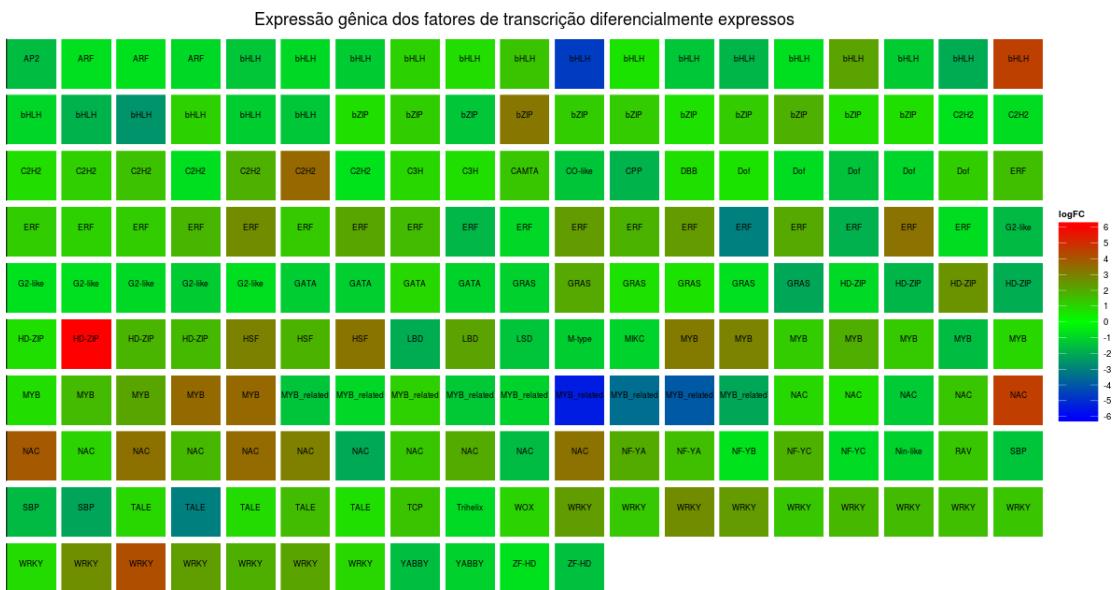
A figura 7 traz um sumário dos TFs expressos significativa e não significativamente por família. Dentre os TFs expressos significativamente aparecem aqueles que são inseridos nas famílias AP2, ARF, bHLH, bZIP, C2H2, C3H, CAMTA, CO-like, CPP, DBB, Dof, ERF, G2-like, GATA, GRAS, HD-ZIP, HSF, LSD, MIKC, M-type, MYB, MYB\_related, NAC, NF-YA, NF-YB, NF-YC, Nin-like, RAV, SBP, TALE, TCP, Trihelix, WOX, WRKY, YABBY e ZF-HD.



**Figura 7.** Sumário dos fatores de transcrição expressos significativa (DEGs) e não significativamente (expressos apenas em uma das condições de controle ou alagamento), por família em folhas de ‘Capdeboscq’ submetidas ao estresse por alagamento durante 48 horas.

Já a figura 8 representa um *heatmap* dos TFs expressos significativamente, com ênfase no nível de expressão que cada um obteve, baseado no LogFC de cada transcrito. A família HD-ZIP foi a que apresentou o transcrito com maior valor de regulação positiva (*ppa010647m*) em torno de seis vezes maior do que o controle (logFC 6), seguido de um membro da família NAC (*ppa07445m*) e bHLH (*ppa018357m*), com valor de aproximadamente logFC 5, e transcritos membros das famílias WRKY (*ppa010796m*) e NAC (*ppa008301m*), com valores de logFC em torno de 3 e 4.

Dentre os genes regulados negativamente, demonstrou maior destaque um transcrito membro da família MYB\_related (*ppa014060m*), com valor de logFC -5, seguido de bHLH (*ppa006041m*), apresentando uma expressão no valor em torno de logFC -4, seguidos de outros membros da família MYB\_related (*ppa019533m*, *ppa015823m*), com valores de logFC entre -3 e -4.



**Figura 8.** Fatores de transcrição diferencialmente expressos em folhas de plantas pessegueiro ‘Capdeboscq’ após 48 horas de estresse por alagamento.

#### 4 DISCUSSÃO

A metodologia de sequenciamento massivo de RNA (RNA-Seq), com base no sequenciamento direto de cDNAs, vem sendo amplamente aplicada em análises transcriptômicas de plantas lenhosas expostas a pressões ambientais, com o objetivo de obter dados valiosos a nível molecular e facilitar o entendimento de várias redes de regulação gênica (ZHU et al., 2015). No presente trabalho, com o emprego da metodologia de RNA-Seq, foi possível obter dados para a elucidação do perfil transcricional de *Prunus persica* cv. Capdeboscq sob estresse por alagamento e as análises de genes diferencialmente expressos demonstraram o metabolismo alterado nas plantas estressadas em relação às plantas controle, sendo estes *up-regulated* ou *down-regulated*.

Quanto a análise global de classificação ontológica de genes diferencialmente expressos através da ferramenta Blast2GO (figura 3), resultados similares foram encontrados por vários autores (RABELLO et al., 2008; SEPULVEDA, 2012; ZHANG et al., 2013; BOWMAN et al., 2013; YANG et al., 2015; ZHU et al., 2015), nos quais as mesmas categorias de DEGs obtiveram destaque para as três classes ontológicas estudadas quando expostas a estresse abiótico em arroz, pessegueiro, algodão e cerejeira.

Frente aos resultados obtidos, observou-se que os genes que apresentaram uma regulação positiva sob estresse por alagamento foram principalmente aqueles associados com o metabolismo do amido (*ppa006160m* e *ppa005431m*), os quais estão relacionados com as enzimas alfa e beta amilase, respectivamente, responsáveis pela quebra das ligações 1-4 e 1-6 presentes no amido, e metabolismo da sacarose (*ppa006628m* e *ppa002847m*), sendo que o primeiro transcrito faz parte de uma família de proteínas carboidrato quinase e o segundo codifica a uma beta-frutofuranosidase, também conhecida por invertase, a qual configura no papel de catalisar a hidrólise da sacarose (figura 2). O mesmo pode ser comprovado em estudos com arroz (RABELLO et al., 2008) e algodão (BOWMAN et al., 2013), sendo que o aumento no metabolismo de carboidratos e da concentração de outros osmólitos auxiliam na manutenção do potencial osmótico da célula frente estresse hídrico (PARK et al., 2012; BOWMAN et al., 2013). Segundo Kreuzwieser e Rennenberg (2014), este comportamento é observado tanto em cultivares tolerantes como em cultivares sensíveis ao alagamento, porém o que difere uma da outra seria o tempo em que esses carboidratos permanecem sem que a planta utilize massivamente tais reservas, uma vez que plantas mais tolerantes tendem a permanecer com suas concentrações de carboidratos elevadas durante períodos maiores, enquanto que plantas sensíveis começam a esgotar esses açúcares poucos dias após o início do alagamento do solo.

Também é relatado que os níveis de carboidratos permaneçam elevados devido ao fato de que o transporte via floema pode ser altamente prejudicado e, consequentemente, ocorre o acúmulo de fotoassimilados nas folhas (FERNER et al., 2012; KREUZWIESER & RENNENBERG, 2014).

Por outro lado, pode-se observar que o estresse por alagamento proporcionou a expressão de vários genes que diminuíram sua expressão perante o controle (*down-regulated*) relacionados com reações luminosas (figuras 2 e 4), que compreendem toda a cadeia transportadora de elétrons da fotossíntese (figura 5), desde as subunidades polipeptídicas constituintes do fotossistema II, NAD(P)H desidrogenases, citocromo b<sub>6</sub>f, até as subunidades polipeptídicas pertencentes ao fotossistema I, corroborando com o que foi encontrado em pessegueiro (*Prunus persica*) quando infectado por *Xanthomonas arboricola* pv. Pruni (SOCQUET-JUGLARD et al., 2013) e em plantas de algodão (*Gossypium arboreum*) expostas ao

estresse por seca (ZHANG et al., 2013). Postula-se que a regulação negativa de genes envolvidos na fotossíntese em situações estressantes seja para a proteção do aparelho fotossintético contra danos oxidativos, do contrário, espécies reativas de oxigênio (ERO) podem ser formadas e, consequentemente, pode danificar diretamente proteínas, lipídios e pigmentos, os quais compreendem o aparato fotossintético (NIYOGI, 2000). Kreuzwieser e Rennenberg (2014) explicam que, embora a taxa fotossintética líquida decresça sob estresse por alagamento, este mecanismo ainda não é bem elucidado. Entretanto, há fortes indícios que sejam limitações estomáticas, causadas pela diminuição da condutância estomática, e limitações não-estomáticas, as quais estão relacionadas com a diminuição nas concentrações de clorofila, diminuição na atividade (KREUZWIESER e RENNENBERG, 2014) e abundância (HERRERA et al., 2013) da ribulose-1,5-bifosfato carboxilase/oxigenase (Rubisco) e acúmulo de carboidratos solúveis que podem causar a inibição da fotossíntese através de um feedback negativo (FERNER et al., 2012; KREUZWIESER e RENNENBERG, 2014). Porém, a hipótese da diminuição nas concentrações de clorofila pode não estar relacionada com este estudo, em razão de diversos genes relacionados com a síntese de moléculas tetrapirrólicas terem apresentado uma regulação positiva e não negativa.

De acordo com LeProvost et al. (2012), numerosos processos que necessitam de alta quantidade energética diminuem sua intensidade em plantas sob condições de alagamento. Um exemplo claro disso é a diminuição no nível de transcritos responsáveis pela síntese de transportadores de nutrientes, o que suporta o fato de que o metabolismo do Nitrogênio seja drasticamente reduzido em condições de alagamento (KREUZWIESER & RENNENBERG, 2014). Outro exemplo de processo que requer altas quantidades energéticas, e é grandemente afetado em condições de alagamento, é a biossíntese de componentes celulares (LEPROVOST et al., 2012; KREUZWIESER & RENNENBERG, 2014). Ambos eventos foram observados no presente trabalho.

Como forma de proteger as células e sustentar o crescimento em condições de estresse abiótico, as plantas respondem a mudanças desfavoráveis em seus ambientes em nível de desenvolvimento, fisiológico e bioquímico. Tais respostas requerem expressão de genes responsivos ao estresse, que podem ser direta ou indiretamente regulados por uma rede de fatores de transcrição (MIZOI et al., 2012)

que são requeridos para auxiliar em uma reprogramação transcracional sob pressões ambientais (AHMAD et al., 2014). Portanto, a análise desses TFs aparece como ferramenta importante na elucidação do perfil transcracional de uma dada espécie e condição.

Fatores de transcrição agem como os primeiros responsivos a diversos sinais ambientais e, assim, desencadeiam a expressão/repressão de genes responsivos ao estresse que são parte importante para que as plantas adquiram certo nível de tolerância a estresses abióticos e bióticos (HUANG et al., 2012). No presente trabalho e dentre as famílias de fatores de TFs que obtiveram significância nos níveis de expressão, apresentaram destaque membros das famílias bHLH, ERF, NAC e WRKY (figura 6).

As proteínas bHLH (*basic/helix-loop-helix*) são parte de uma superfamília de TFs e é definida pela assinatura de domínio bHLH, o qual consiste de 60 aminoácidos com duas regiões funcionalmente distintas. A região básica, localizada na extremidade N-terminal do domínio, está envolvida na ligação de DNA e é constituída por 15 aminoácidos, com um elevado número de resíduos básicos. Já a região HLH, na extremidade C-terminal, funciona como um domínio de dimerização e é constituída essencialmente por resíduos hidrofóbicos, os quais formam duas hélices anfipáticas (JIN et al., 2014). Em *Prunus persica*, foram identificados 133 genes *bHLH*, segundo o banco de dados *Plant Transcription Factors Database v3.0 (Plant TFDB)* (JIN et al., 2014). Vários TFs da família bHLH têm sido relatados pela interação que possuem diretamente com proteínas JAZ e na sua atuação em conjunto para ativar ou reprimir a transcrição de genes de resposta rápida, responsivos a jasmonatos (WU et al., 2014). Segundo Abe et al. (2003), em seus estudos com *Arabidopsis*, alguns TFs da família bHLH atuam como ativadores de genes induzidos por ácido abscísico (ABA) sob condições de seca. Em geral, proteínas JAZ atenuam a função de transcrição, interagindo com bHLH e subsequentemente modulam, através da ativação ou repressão de genes, vários processos no desenvolvimento das plantas e respostas aos estresses abióticos (SHYU et al., 2012; WU et al., 2014).

Os TFs da família ERF (*ethylene response factors*) são específicos de plantas, os quais estão inseridos em uma superfamília AP2/ERF, a qual é definida por um domínio AP2/ERF que consiste em torno de 60 a 70 aminoácidos e está

diretamente envolvido em ligações com DNA. Já foram identificados 107 genes *ERF* em *Prunus persica*, segundo o banco de dados *Plant TFDB* (JIN et al., 2014). Tem sido demonstrado que as proteínas AP2/ERF possuem importantes funções na regulação da transcrição de uma variedade de processos biológicos relacionados com o crescimento e desenvolvimento, bem como a várias respostas a estímulos (JIN et al., 2014). Depois da identificação de ERF em tabaco, muitas proteínas desta família foram identificadas e a elas atribuídas diversas funções nos processos celulares, tais como transdução de sinal hormonal, respostas a estresses bióticos e abióticos, regulação do metabolismo e em processos de desenvolvimento em diferentes espécies de plantas (NAKASHIMA et al., 2014). Vários estudos têm demonstrado que a família de genes ERF está associada com respostas a estresse ambientais, sinalização hormonal e defesa (MIZOI et al., 2012, OGATA et al., 2013), uma vez que sua expressão ocorre em resposta ao etileno, sendo este hormônio intimamente ligado a situações responsivas a estresses bióticos e abióticos (ITO et al., 2012).

A superfamília de fatores de transcrição NAC é exclusivamente encontrada em plantas e originalmente deriva do nome de três proteínas, sendo elas: NAM (*No Apical Meristem*), ATAF1-2 e CUC2 (*Cup-Shaped Cotyledon*). NAC possui um domínio altamente conservado na extremidade N-terminal e uma região de regulação de transcrição C-terminal variável. Segundo o banco de dados *Plant TFDB*, foram identificados 115 genes NAC em *Prunus persica* (JIN et al., 2014). Em *Arabidopsis*, três genes NAC foram induzidos por seca, salinidade e baixas temperaturas e plantas que superexpressaram esses genes demonstraram um aumento na tolerância frente a estes estresses quando comparadas com plantas controle (NAKASHIMA et al., 2014). Em milho, Shiriga et al. (2014) identificaram aumento na expressão de membros da família NAC responsivos ao estresse por seca.

Fatores de transcrição WRKY compreendem uma das maiores famílias de reguladores transcricionais e são parte integrante de processos de sinalização que modulam inúmeros processos nas plantas (JIN et al., 2014). A característica que define essa família é o seu domínio WRKY de ligação ao DNA, o qual possui cerca de 60 aminoácidos, e na extremidade C-terminal possui uma estrutura de dedo de zinco (RUSHTON et al., 2010). Atualmente, no banco de dados *Plant TFDB* consta

61 genes WRKY identificados em *Prunus persica* (JIN et al., 2014). Genes WRKY regulam a expressão dinâmica de vários genes algo e, assim, controlam uma variedade de respostas fisiológicas nas plantas, como crescimento e desenvolvimento, processos metabólicos, embriogênese, senescência, formação de parede secundária, regulação de vias metabólicas e sinalização hormonal. Além disso, genes WRKY foram relacionados a ativação de respostas a estresses abióticos, tais como salinidade, ferimento mecânico, calor, seca e alagamento (YAO et al., 2015).

A figura 7 consiste em um *heatmap* que apresenta os níveis de expressão dentro das famílias de TFs. Um dos membros da família HD-ZIP apareceu com um dos maiores valores de LogFC positivo em comparação com o controle. Os membros da família HD-ZIP possuem um motivo de leucina (LZ) imediatamente a jusante do homeodomínio (HD). O HD é responsável pela ligação específica com DNA, enquanto que o LZ atua como motivo de dimerização (JIN et al., 2014). Membros da família HD-ZIP foram relatados por serem induzidos por várias condições de estresse, incluindo a seca, salinidade e fitormônios, além de outras funções morfológicas, como controle da atividade do câmbio, promovido pelo alongamento das células axiais e diferenciação do xilema (AGALOU et al., 2008; MA et al., 2015). Em seu estudo com exposição de cultivares de trigo ao déficit hídrico, Ma et al. (2015) observaram a regulação positiva de vários membros da família HD-ZIP, o que pode estar relacionado com o aumento do processo de desenvolvimento para a adaptação da planta ao estresse imposto.

Dentre os fatores de transcrição *up-regulated* também apareceram membros das famílias NAC, bHLH e WRKY. As três famílias, já detalhadas anteriormente, apresentaram membros que obtiveram regulação positiva em estudos prévios com imposição de estresses abióticos em algodão (LI et al., 2014), arroz (WU et al., 2014) e couve (YAO et al., 2015), corroborando com a descrição de serem responsivos quando plantas são submetidas a diferentes tipos de estresse.

Em relação aos TFs regulados negativamente, um membro da família MYB\_related foi o que apresentou menor valor de Log FC, ou seja, menor expressão frente ao estresse por alagamento quando comparado com o controle. A família MYB\_related é caracterizada por apresentar um único domínio SANT (SWI3, ADA2, N-CoR, e TFIIIB) e, ao longo da última década, tem sido relatado que a maioria dos

genes *MYB\_related* estão envolvidos em diversas formas de resposta ao estresse abiótico (XIONG et al., 2014). Foi comprovada sua atuação no estresse por seca, salino e ferimentos, todos mediados por ABA, em *Arabidopsis* (ABE et al., 2003) e estresse por altas e baixas temperaturas em arroz (YANG et al., 2012). Du et al. (2015), em trabalho realizado com milho exposto a déficit, testaram a expressão gênica, com a técnica de microarranjo, de vários TFs da família *MYB\_related*. Foram encontrados cinco fatores de transcrição *down-regulated* durante o período de estresse nas plantas de milho e, após o período de recuperação, os mesmos normalizaram a sua expressão, se equivalendo aos valores de controle. Du et al. (2015) relatam que tal aspecto de expressão provavelmente contribuiu para a resposta a seca.

Para os TFs *down-regulated* também apareceram membros das famílias bHLH. Woyann (2014), em trabalho realizado com cultivares de arroz expostas ao estresse por frio, relata a regulação negativa de três genes bHLH e, segundo Huang et al. (2013) genes desta família estão descritos como apresentando funções importantes na tolerância ao estresse pela remoção de ERO através da regulação positiva da enzima peroxidase.

Com o emprego da tecnologia de RNA-Seq, foi possível obter um perfil transcriptômico, analisar as principais rotas afetadas e estudar os fatores de transcrição expressos envolvidos na resposta de ‘Capdeboscq’ sob o alagamento. Os resultados obtidos neste segundo capítulo, bem como os encontrados no primeiro capítulo, corroboram a suscetibilidade de ‘Capdeboscq’ a tal estresse. Portanto, tais resultados servem de base para estudos posteriores de validação dos mesmos, como por exemplo, com a utilização da técnica de qRT-PCR, bem como abre um leque de possibilidades para desenvolver marcadores moleculares específicos para avaliação do estresse por alagamento e a realização de outros trabalhos que possam ser de grande valia para a completa elucidação dos mecanismos moleculares envolvidos na resposta de *Prunus persica* frente ao alagamento. Informações como estas agregam alto valor e servem como base de auxílio no manejo dos pomares gaúchos e no melhoramento de portaenxertos.

## **5 CONCLUSÕES**

Nas condições e com a tecnologia utilizada no desenvolvimento do presente trabalho foi possível concluir que:

- A análise do perfil transcrional em folhas de plantas de ‘Capdeboscq’ sob estresse por alagamento, demonstra a expressão de inúmeros DEGs, os quais estão envolvidos na resposta da planta frente ao estresse.
- A anotação funcional de inúmeros DEGs através dos Software MapMan e Blast2GO, permitiu elucidar algumas das principais rotas metabólicas afetadas pelo estresse por alagamento.
- O processo fotossintético é fortemente afetado, onde DEGs relacionados com as reações luminosas apresentam diminuição na sua expressão.
- Fatores de transcrição, principalmente membros das famílias bHLH, ERF, NAC, WRKY e HD-Zip, NAC e MYB\_related são afetados pelo estresse por alagamento, os quais aumentam ou diminuem sua expressão, perante o controle, com o objetivo de modular a expressão/repressão de inúmeros genes responsivos ao estresse.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABE, H.; URAO, T.; T. ITO, M. SEKI, K. SHINOZAKI, K. YAMAGUCHI-SHINOZAKI. *Arabidopsis* AtMYC2 (bHLH) and AtMYB2 (MYB) function as transcriptional activators in abscisic acid signaling, *Plant Cell* 15 (2003) 63–78.
- AGALOU, A.; PURWANTOMO, S.; OVERNAS, E.; JOHANNESSEN, H.; ZHU, X.; ESTIATI, A. A genome-wide survey of HD-Zip genes in rice and analysis of drought-responsive family members. **Plant Molecular Biology**, v.66, n.1, p.87-103, 2008.
- BAILEY-SERRES, J.; VOESENEK, L. A. Flooding stress: acclimations and genetic diversity. **Annual Review Plant Biology**, v.59, n.1, p.313-339, 2008.
- BOLGER, A. M.; LOHSE, M.; USADEL, B. Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data. **Bioinformatics**, v., n.1, p.170-177, 2014.
- BOWMAN, M. J.; PARK, W.; BAUER, P. J.; UDALL, J. A.; PAGE, J. T.; RANEY, J.; SCHEFFLER, B. E.; JONES, D. C.; CAMPBELL, T. RNA-Seq Transcriptome Profiling of Upland Cotton (*Gossypium hirsutum* L.) Root Tissue under Water-Deficit Stress. **PLoS ONE**, v.8, n.12, p. e82634, 2013.
- CONESA, A.; GÖTZ, S.; GARCÍA-GÓMEZ, J.M.; TEROL, J.; TALÓN, M.; ROBLES, M. Blast2GO: a universal tool for annotation, visualization and analysis in functional genomics research. **Bioinformatics**, v.21, p.3674-3676, 2005.
- DU, H.; WANG, Y-B.; XIE, Y.; LIANG, Z.; JIANG, S-J.; ZHANG, S-S.; HUANG, Y-B.; TANG, Y-X. Genome-Wide Identification and Evolutionary and Expression Analyses of MYB-Related Genes in Land Plants. **DNA research**, v.20, n.1, p.437-448, 2013.
- ELDEM, V.; AKÇAY, U. C. E.; OZHUNER, E.; BAKIR, Y.; URANBEY, S.; UNVER, T. Genome-Wide Identification of miRNAs Responsive to Drought in Peach (*Prunus persica*) by High-Throughput Deep Sequencing. **Plos One**, v.7, n.12, p.1-14, 2012.
- FACHINELLO, J. C.; BIANCHI, V. J. 2005. **Porta-enxertos para frutas de caroço: banco ativo de germoplasma (BAG) e atividades de pesquisa na UFPel**. In: Simpósio Brasileiro de Recursos Genéticos, 2005, Pelotas. Resumos e Palestras. Pelotas: Embrapa Clima Temperado. v. 1. p. 103-107.

FERNER, E.; RENNENBERG, H.; KREUZWIESER, J. Effect of flooding on C metabolism of flood-tolerant (*Quercus robur*) and non-tolerant (*Fagus sylvatica*) tree species. **Tree Physiology**, v.32, n.1, p.135–145, 2012.

GOFF, L.; TRAPNELL, C.; KELLEY, D. *CummeRbund: Analysis, exploration, manipulation, and visualization of Cufflinks high-throughput sequencing data. R package version 2.6.1.* 2012

HERRERA, A. Responses to flooding of plant water relations and leaf gas exchange in tropical tolerant trees of a black-water wetland. **Frontiers in Plant Science**, v. 4, n.106, p.1-12, 2013.

HUANG, G. T.; MA, S. L.; BAI, L.P.; ZHANG, L.; MA, H. Signal transduction during cold, salt, and drought stresses in plants. **Molecular Biology Reports**, v.39, n.1, p.969-987, 2012.

HUANG, X. S.; WANG, W.; ZHANG, Q.; LIU, J. H. A basic helix-loop-helix transcription factor, PtrbHLH, of *Poncirus trifoliata* confers cold tolerance and modulates peroxidase-mediated scavenging of hydrogen peroxide. **Plant Physiology**, v. 162, n. 2, p. 1178-94, 2013.

IBGE. **Banco de dados**. Acessado em 22 de janeiro de 2015. Online. Disponível em: <http://www.sidra.ibge.gov.br/bda/agric/default.asp?z=t&o=11&i=P>.

ITO, T. M.; RAMPIM, M. C.; POLIDO, P. B.; SOUZA, S. G. H. Fatores de transcrição da família AP2/ERF e reposta em plantas aos estresses abióticos. **Arquivos de Ciências Veterinárias e Zoologia**, v. 15, n. 2, p.207-214, 2012.

JIN, J.P.; ZHANG, H.; KONG, L.; GAO, G.; LUO, J. C. (2014). PlantTFDB 3.0: a portal for the functional and evolutionary study of plant transcription factors. **Nucleic Acids Research**, v.42, n.D1, p.D1182-D1187, 2014.

KREUZWIESER, J.; RENNENBERG, H. Molecular and physiological responses of trees to waterlogging stress. **Plant, Cell and Environment**, v.10, n.1, p.2245-2259, 2014.

LEPROVOST, G.; SULMON, C.; FRIGERIO, J. M.; BODÉNÈS, C.; KREMER, A.; PLOMION, C. (2012) Role of waterlogging-responsive genes in shaping interspecific differentiation between two sympatric oak species. **Tree Physiology**, v.32, n.1, p.119-134, 2012.

LI, W.; HUANG, G-Q.; ZHOU, W.; XIA, X-C.; LI, D-D.; LI, X-B. A cotton (*Gossypium hirsutum*) gene encoding a NAC transcription factor is involved in negative regulation of plant xylem development. **Plant Physiology and Biochemistry**, v.83, n.1, p.134-141, 2014.

LIU, L.; LI, S.; HU, N.; HE, Y.; PONG, R.; LIN, D.; LU, L.; LAW, M. Comparison of Next-Generation Sequencing Systems. **Journal of Biomedicine and Biotechnology**, v. 2012, n.1, p.1-11, 2012.

MA, X.; XIN, Z.; WANG, Z.; YANG, Q.; GUO, S.; GUO, X.; CAO, L.; LIN, T. Identification and comparative analysis of differentially expressed miRNAs in leaves of two wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes during dehydration stress. **BMC Plant Biology**, v.21, n.1, p.1-15, 2015.

MARTINAZZO, E. G.; PERBONI, A. T.; OLIVEIRA, P. V.; BIANCHI, V. J.; BACARIN, M. A. Atividade fotossintética em plantas de ameixeira submetidas ao déficit hídrico e ao alagamento. **Ciência Rural**, v.43, n.1, p.35-41, 2013.

MIZOI, J.; SHINOZAKI, K.; YAMAGUCHI-SHINOZAKI, K. AP2/ERF family transcription factors in plant abiotic stress responses. **Biochimica et Biophysica Acta**, v.1819, n.1, p.86-96, 2012.

NIYOGI, K. K. Safety valves for photosynthesis. **Plant Biology**, v.3, n.1, p.455–460, 2000.

NAKASHIMA, K.; YAMAGUCHI-SHINOZAKI, K.; SHINOZAKI, K. The transcriptional regulatory network in the drought response and its crosstalk in abiotic stress responses including drought, cold, and heat. **Frontiers in Plant Science**, v.5, n.170, p.1-7, 2014.

OGATA, T.; KIDA, Y.; TOCHIGI, M.; MATSUSHITA, Y. Analysis of the cell death-inducing ability of the ethylene response factors in group VIII of the AP2/ERF family. **Plant Science**, v.209, n.1, 12-23, 2013.

PERVAIZ, T.; SUN, X.; ZHANG, Y.; TAO, R.; ZHANG, J.; FANG, J. Association between Chloroplast and Mitochondrial DNA sequences in Chinese *Prunus* genotypes (*Prunus persica*, *Prunus domestica*, and *Prunus avium*). **BMC Plant Biology**, v.15, n.4, p.1-10, 2015.

PIMENTEL, P.; ALAMADA, R. D.; SALVATIERRA, A.; TORO, G.; ARISMENDI, M. J.; PINTO, M. T.; SAGREDO, B.; PINTO, M. Physiological and morphological responses

of *Prunus* species with different degree of tolerance to long-term root hypoxia. **Scientia Horticulturae**, v.180, n.1, p.14-23, 2014.

PARK, W.; SCHEFFLER, B. E.; BAUER, P. J.; CAMPBELL, B. T. Genome-wide identification of differentially expressed genes under water deficit stress in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). **BMC Plant Biology**, v.12, n.90, p.1-12, 2012.

PISTELLI, L.; LACONA, C.; MIANO, D.; CIRLLI, M.; COLAO, M. C.; MENSUALI-SODI, A.; MULEO, R. Novel *Prunus* rootstock somaclonal variants with divergent ability to tolerate waterlogging. **Tree Physiology**, v.32, n.1, p.355-368, 2012.

RABELLO, A. R.; GUIMARÃES, C. M.; RANGEL, P. H. N.; SILVA, F. R.; SEIXAS, D. Identification of drought-responsive genes in roots of upland rice (*Oryza sativa* L.). **BMC Genomics**, v.9, n.485, p. 1-13, 2008.

RODAMILANS, B.; LEÓN, D. S.; MÜHLBERGER, L.; CANDRESSE, T.; NEUMULLER, M.; OLIVEROS, GARCÍA, J. A. Analysis of *Prunus domestica* Undergoing Hypersensitive Response to Plum Pox Virus Infection. **Plos One**, v.9, n.6, p.1-12, 2014.

RUSHTON, P. J.; SOMSSICH, I. E.; RINGLER, P.; SHEN, Q. J. WRKY transcription factors. **Trends in Plant Science**, v.15, n.5, p.247-258, 2010.

SEPULVEDA, Maria Jose Arismendi. **Identificación de genes candidatos asociados a La tolerancia a estrés por hipoxia/anoxia radicular en portainjertos de Prunus**. 2012. 151f. Tese (Doutorado em Biologia Celular e Molecular Aplicada) – Facultad de Ciencias Agropecuarias y Forestales, Universidad de La Frontera, Tecumó/Chile, 2014.

SHIRIGA, K.; SHARMA, R.; KUMAR, K.; YADAV, S. K.; HOSSAIN, F.; THIRUNAVUKKARASU, N. Genome-wide identification and expression pattern of drought-responsive members of the NAC family in maize. **Meta Gene**, v.2, n.1, p.407-417, 2014.

SHYU, C.; FIGUEROA, P.; DEPEW, C. L.; COOKE, T. F.; SHEARD, L. B.; MORENO, J. E.; KATSIR, L.; ZHENG, N.; BROWSE, J.; HOWE, G. A. JAZ8 lacks a canonical degron and has an EAR motif that mediates transcriptional repression of jasmonate responses in *Arabidopsis*. **Plant Cell**, v.24, n.1, p.536-550, 2012.

SOCQUET-JUGLARD, D.; KAMBER, T.; POTHIER, J. I. F.; CHRISTEN, D.; GESSLER, C.; DUFFY, B.; PATOCCHI, A. Comparative RNA-Seq Analysis of Early-

Infected Peach Leaves by the Invasive Phytopathogen *Xanthomonas arboricola* pv. *Pruni*. **Plos One**, v.8, n.1, p.1-12, 2013.

TRAPNELL, C.; PACTER, L.; SALZBERG, STEVEN, L. TopHat: discovering Splice junctions with RNA-Seq. **Bioinformatics**, v.25, n.9, p.1105-1111, 2009.

TRAPNELL, C.; WILLIAMS, B.A.; PERTEA, G.; MORTAZAVI, A.M.; KWAN, G.; VAN BAREN, M.J.; SALZBERG, S.L.; WOLD, B.; PACTER, L. Transcript assembly and abundance estimation from RNA-Seq reveals thousands of new transcripts and switching among isoforms. **Nature Biotechnology**, v.28, n.5, p.511–515, 2010.

TRAPNELL., C.; ROBERTS, A.; GOFF, L.; PERTEA, G.; KIM, D.; KELLEY, D. R.; PIMENTEL, H.; SALZBERG, S. L.; RINN, J.; L.; PACTER, L. Differential gene and transcript expression analysis of RNA-seq experiments with TopHat and Cufflinks. **Nature Protocols**, v.7, n.3,p.562-578, 2012.

USADEL, B.; POREE, F.; LOHSE, M.; CZEDIK-EYSENBERG, A.; STITT, M. A guide to using MapMan to visualize and compare Omics data in plants: a case study in the crop species, Maize. **Plant Cell Environment**, v.32, n.1, p.1211-1229, 2009.

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

WOYANN, Leomar Guilherme. **Análise do transcriptoma de genótipos de arroz sob estresse por frio**. 2014. 109f.Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Universidade Federal de Pelotas, Pelotas, 2014.

WU, H.; YE, H.; YAO, R.; ZHANG, T.; XIONG, L. OsJAZ9 acts as a transcriptional regulator in jasmonate signaling and modulates salt stress tolerance in rice. **Plant Science**, v.232, n.1, p.1-12, 2015.

XIONG, H.; LI, J.; LIU, P.; DUAN, J.; ZHAO, Y.; GUO, X.; LI, X.; ZHANG, H.; ALI, J.; LI, Z. Overexpression of OsMYB48-1, a Novel MYB-Related Transcription Factor, Enhances Drought and Salinity Tolerance in Rice. **Plos One**, v.9, n.3, p.1-13, 2014.

YANG, A.; DAI, X.; ZHANG, W-H. A R2R3-type MYB gene, OsMYB2, is involved in salt, cold, and dehydration tolerance in rice. **Journal Experimental Botany**, v.63, n.1, p2541-2556, 2012.

YANG, S-Y.; HAO, D.; SONG, Z-Z.; YANG, G-Z.; WANG, L.; SU, Y-H. RNA-Seq analysis of differentially expressed genes in rice under varied nitrogen supplies. **Gene**, v.555, n.1, p.305-317, 2015.

YAO, Q-Y.; XIA, E-H.; LIU, F-H.; GAO, L-Z. Genome-wide identification and comparative expression analysis reveal a rapid expansion and functional divergence of duplicated genes in the WRKY gene family of cabbage, *Brassica oleracea* var. *capitata*. **Gene**, v.557, n.1, p.35-42, 2015.

ZHANG, X.; YAO, D.; WANG, Q.; XU, W.; WEI, Q. mRNA-seq Analysis of the *Gossypium arboreum* transcriptome Reveals Tissue Selective Signaling in Response to Water Stress during Seedling Stage. **PLoS ONE**, v.8, n.1, p.1-16, 2013.

ZHOU, Y.; ZHOU, H.; LIN-WANG, K.; VIMOLMANGKANG, S.; ESPLEY, R. V.; WANG, L.; ALLAN, A. C.; HAN, Y. Transcriptome analysis and transient transformation suggest an ancient duplicated MYB transcription factor as a candidate gene for leaf red coloration in peach. **BMC Plant Biology**, v.14, n.388, p.1-13, 2014.

ZHU, Y.; LI, Y.; XIN, D.; CHEN, W.; SHAO, X.; WANG, Y.; GUO, W. RNA-Seq-based transcriptome analysis of dormant flower buds of Chinese cherry (*Prunus pseudocerasus*). **Gene**, v.555, n.1, p.362-376, 2015.

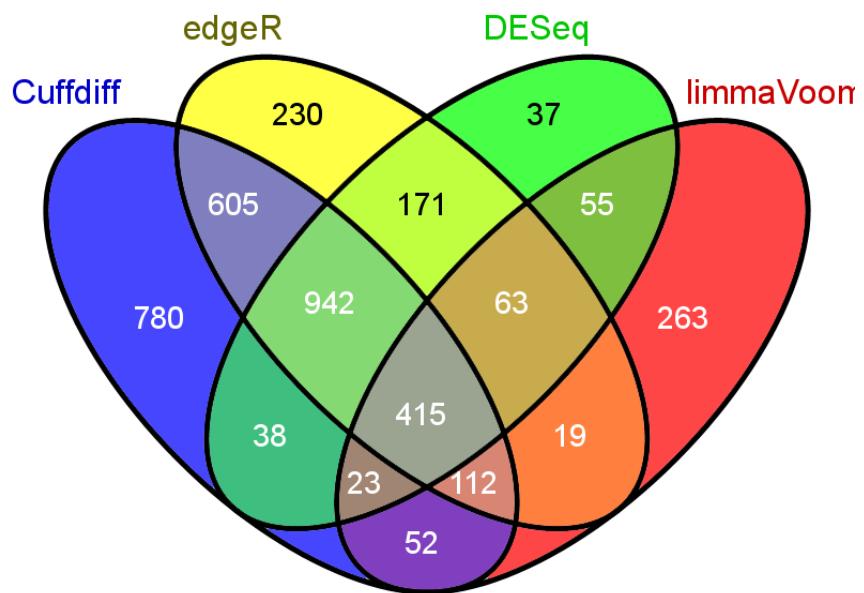
## **Considerações Finais**

O trabalho desenvolvido permitiu obter dados valiosos e auxiliou na compreensão de algumas das respostas fisiológicas e moleculares de portaenxertos de *Prunus spp.* submetidos a estresse por seca e alagamento. Os resultados obtidos neste estudo demonstraram os diferentes níveis de tolerância/suscetibilidade dos portaenxertos avaliados e oportunizou o conhecimento e aprofundamento do mesmo, sobre processos fisiológicos e sua intrínseca relação com a regulação de inúmeros mecanismos moleculares. Trabalhos que comparem portaenxertos contrastantes são fundamentais para a descoberta de novos marcadores moleculares. Com a realização do presente trabalho, foi possível obter um perfil transcriptômico de uma cultivar suscetível ao alagamento, o pessegueiro 'Capdeboscq'. Para tanto, é de fundamental importância, em análises posteriores, a caracterização de cultivares tolerantes, tanto a nível fisiológico como molecular, bem como a obtenção de um perfil transcriptômico, viabilizando a avaliação do contraste existente entre cultivares suscetíveis e tolerantes, com a finalidade de encontrar possíveis genes responsáveis pela tolerância ao estresse por alagamento em *Prunus* e que sejam potenciais marcadores moleculares para esta característica.

Embora seja difícil obter um genótipo que possua todos os atributos necessários para um bom portaenxerto, é fundamental caracterizar genótipos e fazer uso do melhoramento genético para incorporar o maior número possível de caracteres desejáveis em um genótipo que vise atender uma determinada condição de cultivo ou manejo. Isto corrobora a necessidade da realização deste e de demais estudos futuros, pois existe uma demanda urgente, principalmente dos persicultores, na utilização de portaenxertos bem adaptados às condições climáticas do Sul do Rio Grande do Sul e que propiciem uma produção de qualidade.

## **APÊNDICES**

**Apêndice 1:** Diagrama de Venn para avaliação prévia e escolha do pacote de programas mais adequado para proceder com análises posteriores. Na imagem: genes diferencialmente expressos (DEGs) por cada pacote de programas. Programas avaliados: Cuffdiff, edgeR, DESeq e limmaVoon.



**Apêndice 2.** Tabela de genes diferencialmente expressos em portaenxertos de *Prunus persica* sob estresse por alagamento durante 48 horas.

Gene Id	Function	log2_fold_change
ppa011557m	protein phosphatase 2c	0,826583
ppa006489m	chloroplast envelope membrane	-0,921176
ppa004673m	NA	1,04696
ppa007491m	myb family transcription factor	-0,732129
ppa026213m	NA	-1,98284
ppa001207m	lipoxygenase	-0,743623
ppa001963m	NA	-0,986891
ppa014426m	NA	-2,82215
ppa002058m	lin-54-like protein	-1,79734
NA	NA	-1,88347
ppa005399m	ice binding	-1,19539
ppa010004m	chlorophyllase- chloroplast	0,751176
ppa011292m	coated vesicle membrane	0,621288
ppa005353m	atp sulfurylase	1,9783
ppa006644m	atp binding	-0,672364
ppa006253m	cbl-interacting serine threonine-protein kinase 7	0,820295
ppa011212m	nad h dehydrogenase 18	-0,771977
ppa002872m	protein	1,9821
ppa002909m.ppa017194		
m	NA	-0,885796
ppa002391m	NA	-3,05093
ppa002363m	NA	0,894898
ppa015276m	auxin-induced protein 5ng4	-0,717148
ppa024173m	ap2 erf domain-containing transcription factor	3,33749
ppa004157m	NA	-1,2235
ppa020190m	NA	2,13638
ppa003987m	pre-mrna-splicing factor slu7-a	-0,894247
ppa006540m	protein tas-like	0,922134
ppa020240m.ppa020310		
m	NA	-3,39145
ppa011230m	peroxisomal membrane protein pmp22	1,38172
ppa003209m	peptide transporter ptr3-a	2,31196
ppa025643m	NA	-2,08094
NA	NA	1,27503
ppa016376m	protein	-0,997071
ppa014649m	NA	2,43877
ppa015959m	NA	3,20925
ppa012188m	plasma membrane associated protein	3,80856
ppa004812m	peptidase s41 family protein	-1,0229
ppa005431m	beta-amylase chloroplastic-like	2,17439
ppa001457m	protein	-0,992512
ppa000189m	myosin 2	-1,86209
ppa013571m	macrophage migration inhibitory factor family protein	-1,619
ppa000646m	chaperone protein 1-like	-1,50812
ppa009700m	NA	0,839092
ppa023214m	extracellular ribonuclease	-0,814499
ppa007250m	galactokinase	-1,12999
ppa010877m	phospholipase a2-like protein	-1,80079
ppa024941m	class iv chitinase	1,85033

ppa018129m	protein	2,15173
ppa003854m	NA	1,54501
ppa015046m	pathogenesis-related protein pr-1	-Inf
ppa009677m	serine esterase family protein	0,791612
ppa012977m	transferring glycosyl	-1,10844
ppa020356m	NA	1,94856
ppa008797m	NA	1,67036
ppa010448m	glutamine amidotransferase class-i domain-containing protein	1,12189
ppa012843m	ribosomal protein l35	-0,724612
ppa003793m	NA	0,954833
ppa006672m	NA	-0,786649
ppa004441m	dihydrolipoyl dehydrogenase 1	-0,963739
ppa002847m	NA	2,68668
NA	NA	-0,91032
ppa025812m	NA	1,97353
ppa011560m	NA	-1,41135
ppa012490m	NA	1,21197
ppa014737m	NA	-1,03147
ppa020720m	calcium ion binding protein	2,37742
ppa010942m	NA	-1,48779
ppa011816m.ppa011874		
m.ppa012792m	NA	-1,26381
ppa003055m	medium-chain-fatty-acid-- ligase-like	0,669193
ppa020197m	NA	-1,76871
ppa012676m	NA	2,02968
ppa012650m	NA	-1,45612
ppa002599m	protein	0,736247
ppa002036m	glyoxysomal fatty acid beta-oxidation multifunctional protein mfp-a	0,826446
ppa010394m	protein	1,00021
ppa000564m	isoleucyl-trna synthetase	-0,896202
ppa011159m	vesicle-associated membrane	0,827119
ppa004116m	inactive beta-amylase 9	1,82805
ppa003745m	NA	0,894515
ppa001181m	inosine-uridine preferring nucleoside	-2,09466
ppa023569m	ring zinc finger protein	-1,4358
ppa003791m	heavy metal transport detoxification domain-containing protein	-1,12612
ppa005540m	protein trichome birefringence-like 11	0,993351
ppa013511m	NA	-0,940616
ppa011639m	glycoprotein membrane precursor gpi-anchored protein	-0,906011
ppa007554m	NA	0,874557
ppa010978m	ring u-box domain-containing protein	0,730251
ppa006172m	apo protein 3	1,45595
ppa013208m	NA	0,871131
ppa023967m	NA	1,4972
ppa004844m	xyloglucan galactosyltransferase	3,11188
ppa003015m	NA	1,23344
ppa000838m	probably inactive leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at3g28040-like	-2,16726
ppa003433m	pectinesterase family protein	-2,86143
ppa021821m.ppa022989		
m	NA	-2,66894
NA	NA	-2,08793
ppa014059m.ppa026837		
m	NA	-1,17258

ppa019653m	NA	Inf
ppa014179m	NA	-1,84838
ppa012509m	50s ribosomal protein l18	-0,664467
ppa024277m	heparan-alpha-glucosaminide n-acetyltransferase-like	-0,854766
ppa010053m	predicted protein	2,10387
ppa006040m	probable s-acyltransferase at3g26935-like	-2,40678
ppa013059m	NA	-0,865565
ppa009508m	pentatricopeptide repeat-containing	-1,70256
ppa001003m.ppa001007m	NA	-0,845585
ppa008609m	protein	0,942974
ppa013226m	litaf-domain-containing protein	0,744073
ppa004756m.ppb020933m	bri1-associated receptor kinase 1	0,818361
ppa009789m	bidirectional sugar transporter n3-like	4,32304
ppa012277m	NA	-1,10355
ppa016153m	NA	1,89468
ppa013147m	protein	1,57095
ppa000516m	calmodulin-binding transcription activator 4-like	1,33522
ppa014280m	NA	0,735742
ppa006570m	f-box protein at1g67340-like	-0,783751
ppa001064m	protein	1,29792
ppa004596m	NA	-1,3314
ppa008603m	aldo keto reductase	2,686
ppa017009m	pgps d10	-1,79414
ppa026055m	poor homologous synapsis 1	-1,47245
ppa013869m	plant-specific domain tigr01589 family protein	-1,34656
NA	NA	2,04545
ppa004002m	pectin lyase-like protein	-3,32572
ppa008367m	naphthoate synthase	-0,971545
ppa008264m	galactinol synthase 1	-1,94518
ppa019771m	at1g70420 f17o7_4	1,48911
ppa005498m	radical sam domain-containing protein	-0,714243
ppa009090m	xyloglucan endotransglycosylase hydrolase	-3,56963
ppa006109m	carotenoid cleavage dioxygenase 4	-2,50895
ppa021705m.ppa025053m	NA	-1,40962
ppa007913m	NA	1,31797
ppa010863m	two-component sensor protein histidine protein	-1,3289
ppa002954m	NA	-2,05314
ppa003089m	protein	-0,876694
ppa003760m	NA	0,900968
ppa010869m	NA	1,00296
ppa010831m	glutathione s-transferase	2,82383
ppa004366m	actin cross-linking protein	0,848603
ppa020820m	NA	-1,32031
ppa001575m	plastid alpha-amylase	0,825992
ppa010258m	sphingoid base hydroxylase 2	0,912092
ppa002802m	beta- -galactosyltransferase	0,845387
ppa005580m.ppa014049m	NA	-1,40063
ppa017562m	mads box	-1,15178
ppa011955m	upf0497 membrane protein	-1,50309
ppa004634m	ribulose- bisphosphate carboxylase oxygenase large subunit n-methyltransferase	-0,773104

ppa008364m	NA	0,96613
ppa007364m	NA	0,732414
ppa006089m	triose phosphate phosphate chloroplast	1,29475
ppa006701m	ureide permease	1,78183
ppa021624m	protein	-0,805942
ppa010073m	probable 6-phosphogluconolactonase 2-like	-0,800952
ppa004328m	NA	1,07616
ppa008781m	d-aminoacyl-trna deacylase	0,8096
ppa004630m	NA	0,909894
ppa007149m	protein	-1,92987
NA	NA	0,81868
ppa026797m	NA	1,25667
NA	NA	0,990953
ppa006860m	NA	3,48334
ppa010555m	cytochrome b reductase	-1,10033
ppa017015m	aspartyl protease family protein	-2,07627
ppa002857m	leucine-rich repeat receptor-like serine threonine-protein kinase at2g14440-like	-0,953313
ppa006243m	ap2 domain-containing transcription factor	1,34011
ppa010397m	NA	1,33999
ppa007222m	dna binding	-1,63399
ppa001168m	alpha-xylosidase precursor	-1,25107
ppa008512m	homocysteine s-methyltransferase 1	1,18582
ppa004908m	beta-lactamase-like protein	0,645323
ppa011671m	fiber protein fb34	0,789681
ppa008175m	NA	-1,12552
ppa004371m	quiescin-sulphydryl oxidase 1	1,14121
ppa012978m	metal ion binding	1,6016
ppa002756m	u-box domain-containing protein 10	-1,67809
ppa012272m	heat shock protein binding	1,85034
ppa021708m	NA	-1,7716
ppa012742m	mlp-like protein 28	-1,68421
ppa011575m	NA	-1,599
ppa006805m	protein kinase domain-containing protein	1,17298
ppa004644m	endo-beta- -glucanase	-2,47167
ppa011430m	NA	0,847452
ppa010292m.ppa013334		
m	f-box protein skip28	1,08147
ppa007450m	NA	1,94001
ppa010607m	-like phosphatidylinositol transfer protein	0,6974
ppa001524m	rna-dependent rna polymerase 1	-0,725219
ppa000453m	salt overly sensitive 1	-0,704258
ppa003339m	peptide transporter ptr2-like	0,881147
ppa003292m	peptide transporter	-0,773476
ppa002931m	c2h2-type zinc finger protein	-0,792798
ppa007664m	nad -linked oxidoreductase-like protein	1,20928
ppa002508m	protein	1,31678
ppa009994m	cytokine-induced anti-apoptosis inhibitor fe-s biogenesis	0,763762
ppa000435m	myosin-j heavy chain-like	-0,667776
ppa025647m	aspartic proteinase nepenthesin-1-like	-1,96786
ppa006179m	alpha-galactosidase 1	1,55303
ppa002442m	white-brown-complex abc transporter family	-1,21466
ppa001929m	NA	0,825429
ppa003506m	opc-8:0 ligase1	1,0475

ppa009338m	high mobility group family	-1,98049
ppa012521m	NA	-1,97878
ppa011760m	NA	-0,662404
ppa000916m	receptor protein kinase clavata1	-1,14263
ppa001487m	heat shock protein 90	0,832746
ppa013714m	NA	2,12245
ppa001931m.ppb010735		
m	NA	-1,00294
ppa012634m	hsp40 cysteine-rich domain-containing protein	-2,05585
ppa004963m	sulfate adenylyltransferase	-1,19561
ppa013185m	histone h3	0,776564
ppa005293m	NA	1,01511
ppa013161m	NA	1,3462
ppa003895m	cytokinin oxidase	-2,41704
ppa023311m	bel1 homeotic	0,744169
ppa008069m	NA	2,45526
ppa004976m	glucan endo- -beta-glucosidase	-1,11747
ppa003844m	nucleic acid binding	0,794932
ppa002474m	j-domain protein required for chloroplast accumulation response 1	-1,22976
ppa007090m	NA	1,31652
ppa005018m	protein transparent testa 12-like	1,3483
ppa004133m	NA	1,13762
ppa002208m	map protein kinase	0,886842
ppa006790m	NA	-1,84585
ppa008566m	NA	1,58682
ppa009939m	NA	2,63324
ppa012204m	protein	-2,02904
ppa004762m	protein	-1,03792
ppa005616m.ppa019577		
m.ppa024411m	protein	-0,92095
ppa014553m	NA	-0,835635
ppa022588m	NA	1,36389
ppa019874m	NA	1,51068
ppa014659m	NA	2,79998
ppa025477m	NA	-2,26599
ppa006153m	chalcone-flavanone isomerase-like protein	1,40927
ppa019472m	yggt family protein	-1,21886
ppa022205m	NA	3,53147
ppa005271m	NA	1,04273
ppa011156m	NA	1,49131
ppa000748m	NA	2,50492
ppa013495m	predicted protein	0,945684
ppa015637m	calmodulin-binding protein	1,23662
NA	NA	2,04286
ppa006989m	zinc iron	1,28413
ppa018120m	NA	0,914121
ppa003519m	homeobox protein ath1	-3,02331
ppa018437m	mitochondrial atp synthase g subunit family protein	-1,99947
ppa016423m	NA	-1,97897
ppa004713m	NA	1,20849
ppa024693m	conserved hypothetical protein	1,02991
ppa011190m	NA	0,829079
ppa008826m	branched-chain-amino-acid aminotransferase 2	3,40653

ppa015248m	NA	1,70532
ppa014987m	NA	0,901178
ppa007890m	armadillo beta-catenin-like repeat-containing protein	1,80345
ppa009924m	NA	1,86436
ppa001756m	subtilisin-like protease	-1,02266
ppa001576m.ppa014050		
m.ppa026593m	NA	-0,8919
ppa014020m	NA	1,73511
ppa007138m	protein	-4,11749
ppa023250m	protein	1,33606
ppa005531m	probable serine threonine-protein kinase at1g01540-like	-0,938408
ppa001770m	NA	-1,19682
ppa006160m	NA	1,509
ppa010039m	photosystem i light harvesting complex protein 5	-1,09502
ppa024957m	NA	-2,28271
ppa013918m.ppa013983		
m.ppa024480m	NA	-2,96295
ppa016083m	NA	-1,44205
ppa003634m	NA	-1,43236
ppa010854m	plant-specific domain tigr01570 family protein	-0,963663
ppa005124m	e3 ubiquitin-protein ligase herc2-like	1,40379
ppa007459m	probable lactoylglutathione chloroplast-like	-1,47788
ppa005315m	aspartate aminotransferase	0,916737
ppa000948m	abc1 family protein	0,916016
ppa020105m	NA	-1,88962
ppa002275m	probable xyloglucan glycosyltransferase 5-like	-1,96972
ppa006663m	sarcosine oxidase	1,55653
ppa008846m	wrky transcription factor 11	1,35728
ppa010498m	plastid-lipid-associated protein 8	-0,683935
ppa006815m	NA	1,41928
ppa000053m	embryo defective 2410 protein	-0,698185
ppa011982m	NA	0,810607
ppa022854m	NA	2,8407
ppa017996m	NA	0,757698
ppa012737m	NA	-3,06325
ppa019992m	NA	-2,94807
ppa011523m	NA	-1,29549
ppa005767m	NA	-2,0733
ppa020936m	NA	-1,66883
ppa006739m	NA	-1,9143
ppa018811m	NA	1,72923
ppa011918m	adenine phosphoribosyltransferase	-1,70652
ppa017311m	btb poz domain-containing protein	-1,6678
ppa010018m	glutathione s-transferase-like protein	1,0761
ppa000775m	nad kinase chloroplastic-like	-0,78938
ppa003730m	dpp6 n-terminal domain-like protein	0,932748
ppa011817m	NA	1,88973
ppa003816m	metal transporter	1,18322
ppa009380m	nac domain protein nac2	3,35206
ppa007212m	NA	1,54689
ppa014209m	NA	1,28889
ppa007840m	NA	2,78791
ppa003430m	duf246 domain-containing protein at1g04910-like	-0,915493
ppa001539m	osbp(oxysterol binding protein)-related protein 1c	0,731166

ppa001669m	phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase 1-like	-0,697706
ppa003562m	serine hydroxymethyltransferase	1,00847
ppa026217m	phosphopantothenate-cysteine ligase	-0,693831
NA	NA	0,725455
ppa000087m	atp binding	-1,303
ppa012855m	protein	4,15453
ppa012675m	pollen-specific protein c13	-0,733459
ppa008103m	-bisphosphoglycerate-dependent phosphoglycerate mutase-like	0,901246
ppa005893m	transducin wd-40 repeat-containing protein	2,59982
ppa007193m	ap2 domain class transcription factor	1,17686
ppa020645m	trehalose-phosphate phosphatase-like	-1,55329
ppa020074m	protein binding	0,984499
ppa008769m	NA	2,17971
ppa003048m	NA	2,17121
ppa010148m	NA	-1,38714
ppa004257m	seryl-trna synthetase	-1,37442
ppa001639m	isoamylase chloroplastic-like	1,87409
ppa011766m	glutathione s-transferase	0,644826
ppa021157m	prolycopene chloroplastic-like	-1,13555
ppa004404m	NA	1,70428
ppa026134m	NA	-1,38592
ppa003557m	NA	0,642938
ppa004925m	tyrosyl-trna synthetase-like	-0,882745
ppa009391m	senescence associated protein 18	0,849597
ppa012565m	signal recognition particle subunit srp14	0,661411
ppa025544m	NA	0,772415
NA	NA	0,807955
ppa024463m	sulfate transporter	1,31662
ppa020772m	NA	1,20222
ppa024601m	carboxymethylenebutenolidase-like protein	-1,00548
ppa022336m	NA	1,28695
ppa019477m	at1g22630 f12k8_2	-1,21157
ppa003505m	duf246 domain-containing protein at1g04910-like	-0,786187
ppa007377m	12-oxophytodienoate reductase	1,55225
ppa007381m	12-oxophytodienoate reductase	2,1083
ppa015054m	NA	1,32105
ppa013626m	cytochrome c	0,861954
ppa017173m	NA	-0,882426
ppa003848m	glutamyl-trna reductase	-1,5634
ppa014706m	atp binding	-1,80817
ppa012379m	universal stress protein a-like protein	1,02552
ppa005789m	aspartyl protease	-1,78419
ppa008779m	NA	-3,02913
ppa007754m	NA	-1,60335
ppa009679m	NA	-1,45235
ppa003137m	f-box family protein	-0,647401
ppa011108m	NA	2,05888
ppa022569m	multidrug resistance	2,00717
ppa013082m	NA	2,72394
ppa006888m.ppa006899m	chalcone synthase	2,15181
ppb008326m	f-box protein pp2-b1	1,18139
ppa020579m	-(+)-mandelonitrile lyase isoform mdl4 precursor	-2,9966
ppa009986m	protein	4,21207

ppa003279m	type i inositol- -trisphosphate 5-phosphatase cvp2-like	-1,46753
ppa008404m	homocysteine s-methyltransferase	1,05708
ppa007453m	protein kinase	0,709352
ppa002648m	NA	-1,74331
ppa022210m	NA	-1,53768
ppa011747m	early light-inducible protein	1,47358
ppa012907m	calmodulin-like protein	2,46773
ppa004243m	beta-ketoacyl-coa synthase family protein	1,03423
ppa018535m	auxin-induced protein	-1,10073
ppa000744m	NA	-0,753345
ppa003132m	NA	0,882783
ppa013660m	NA	0,761547
ppa010402m	electron transfer flavoprotein subunit beta	0,912636
ppa005764m	NA	3,48435
ppa009846m	NA	-1,83388
ppa009852m	NA	2,0948
ppa012783m	50s ribosomal protein chloroplast	-0,669221
ppa003810m	aspartyl-trna glutamyl-trna amidotransferase subunit b	-0,919957
ppa020895m	NA	-0,777291
ppa010795m	NA	-1,3362
ppa023716m	NA	2,22366
ppa026171m	NA	2,60058
ppa024197m	protein	-2,15848
ppa005761m	pectate lyase	-2,57746
ppa014647m	NA	-2,1665
ppa009277m	NA	1,28301
ppa008213m	alternative oxidase	0,748848
ppa008350m	NA	3,23566
ppa010972m	transcription factor bhlh35	2,18707
ppa011951m	thioredoxin x	-0,948941
ppa007540m	protein kinase	-1,0024
ppa018058m	NA	-3,04369
ppa019929m	NA	-4,58697
ppa006544m	homogentisate phytoltransferase	1,25281
ppa012300m	ribulose -bisphosphate carboxylase small subunit	1,39794
ppa003839m	ap2 domain-containing transcription factor	-1,54392
ppa012260m.ppa015221m	NA	-0,994273
ppa005267m	cbl-interacting serine threonine-protein kinase 21	0,998266
ppa012155m	NA	-1,83943
ppa012924m	conserved hypothetical protein	-0,928064
ppa015501m	protein	2,84635
ppa013637m	NA	0,657068
ppa012167m	sequence-specific dna binding transcription factor	-1,51867
ppa002836m	protein wax2-like	1,09339
ppa003371m	probable Irr receptor-like serine threonine-protein kinase at2g23950-like	-1,26193
ppa000089m	protein kiaa0664 homolog	-1,47672
ppa003741m	NA	-1,5348
ppa000229m	pleiotropic drug resistance protein 3-like	0,708771
ppa008951m	protein	-2,03075
ppa005391m	polygalacturonase at1g48100-like	-4,18221
ppa008521m	NA	5,45764
ppa004730m	o-acetyltransferase family protein	-0,825451

ppa010423m	NA	-1,08963
ppa006909m	wrky transcription	2,37588
ppa012594m	nacl-inducible calcium	2,93895
ppa020979m	gdsl esterase lipase at4g16230-like	-3,40061
ppa001651m	kinase family protein	-0,76607
ppa003053m	atp-citrate synthase beta chain protein 1-like	1,2804
ppa003981m	protein high chlorophyll fluorescent 107	-0,643654
ppa009161m	ring zinc finger	1,73875
ppa012678m	NA	-1,74288
ppa012627m	NA	1,43416
ppa008563m	NA	1,18076
ppa012497m	NA	-0,912681
ppa020127m	protein	1,98013
ppa001271m	NA	0,869169
ppa007361m	protein srg1-like	2,29052
ppa002562m	gtp1 obg family protein	-0,733634
ppa007249m	serine threonine protein	-3,52929
ppa004126m	acyl- -binding domain-containing protein	-1,05325
ppa013805m	glutaredoxin family protein	-3,14073
ppa011729m	integral membrane family protein	-0,915862
ppa006294m	divinyl reductase	-1,42317
ppa002446m	NA	-0,727703
ppa022172m	receptor-like cytosolic serine threonine-protein kinase rbk2-like	-3,15464
ppa000892m	phosphate dikinase 1	-1,45552
ppa022222m	plasma membrane associated protein	-2,38694
ppa1027221m	guanylate kinase	-1,40838
ppa023469m	NA	1,1382
ppa010552m	endo- -beta-d-	2,32439
ppa006444m	tms membrane family protein	1,17677
ppa025177m	adenylate isopentenyltransferase	1,76665
ppa022463m	adenylate isopentenyltransferase	1,03227
ppa016319m	NA	-2,41299
ppa008552m	2-hydroxyisoflavanone dehydratase	1,71593
ppa000622m	sucrose-phosphate synthase	2,63268
ppa003543m	NA	-1,31855
ppa008163m	auxin-induced protein pcnt115-like isoform 1	2,06427
ppa015738m	NA	-1,35403
ppa011682m	NA	0,62615
ppa010155m	s-adenosyl-l-methionine-dependent methyltransferase-like protein	1,02009
ppa024953m	tetrapyrrole-binding chloroplastic-like	-1,07429
ppa006217m	NA	0,867303
ppa010867m	probable fkbp-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	-0,999845
ppa009844m	chloroplastic-like	1,55418
ppa015203m.ppb018185m	class iv chitinase	
ppa010952m	NA	2,4814
ppa003846m	class iv chitinase	-2,35405
ppa011537m	c2 and gram domain-containing protein at1g03370-like	0,886983
NA	protein	1,1633
ppa012549m	NA	-1,48669
ppa000723m	NA	1,0488
ppa017140m	peptide transporter-like protein	1,3553
		-0,718112

ppa011173m	protein tify 9	4,37158
ppa005632m	NA	-1,70926
ppa010032m	protein	1,38612
ppa015545m	glucose-6-phosphate dehydrogenase 2	-0,820473
ppa022743m	protein	-2,99839
ppa012022m	lipid transfer	1,23436
ppa003274m	NA	-0,834311
ppa002007m	NA	-1,29359
ppa001579m	NA	-1,59319
ppa003807m	glycosyl hydrolase family 5 protein	0,855382
ppa001698m	copper methylamine oxidase-like	0,719863
ppa003252m	inorganic phosphate transporter 2-1	-0,881534
ppa006602m	protein	0,833321
ppa005153m	carboxyl-terminal proteinase-like protein	-1,61082
ppa002834m	Iustrin a-like	-1,06232
ppa003642m	leucine-rich repeat receptor-like kinase	-0,810964
ppa007109m	NA	-0,887261
ppa006187m	atp-citrate lyase a-1	1,35306
ppa003530m	NA	0,655087
ppa003234m	probable nucleoredoxin 1-like	0,816257
NA	NA	-0,909978
ppa025705m	NA	1,61634
ppb018970m	NA	-3,56487
ppa021606m	serine threonine-protein kinase wnk (with no lysine)-related protein	-1,21987
ppa012809m	mlp-like protein 423	-2,27989
ppa006982m	NA	4,02208
ppa023323m	uncharacterized wd repeat-containing protein alr3466-like	2,70449
ppa007227m	metalloendoproteinase 1-like	1,77237
ppa006911m	probable galacturonosyltransferase-like 9-like	-0,899315
ppa009114m	NA	0,729856
ppa013780m	clavata3 esr -related protein 25-like	-1,94243
ppa018002m	NA	1,65253
ppa006928m	ac067971_24 ests gb	0,774457
ppa025732m	cchc-type zinc knuckle protein	-0,768174
ppa006262m	protein kinase	0,752162
ppa010629m	nucleic acid binding	0,735519
ppa026725m	NA	-2,29733
ppa006561m.ppa016293		
m	NA	-0,98062
ppa010379m	NA	-2,79054
ppa009352m	ring u-box domain-containing protein	-0,723608
ppa011707m	photosystem ii oxygen-evolving enhancer protein	-1,55911
ppa009530m	NA	3,50748
ppa1027170m	NA	-0,970608
ppa010590m	26s proteasome non-atpase regulatory subunit 10	1,31685
ppa015619m	beta-glucosidase 40-like	-3,3096
ppa015711m	pentatricopeptide repeat-containing protein	-1,23028
ppa014966m	alpha beta	-1,38316
ppa006974m	ninja-family protein afp2-like	3,25312
ppa008554m	NA	-0,889083
ppa004319m	NA	1,87775
ppa018724m	NA	2,92166
ppa003619m	NA	-0,933861

ppa016512m	2-oxoglutarate decarboxylase hydro-lyase magnesium ion binding protein	-1,91762
ppa011870m	protein	-0,782193
ppa002873m	nsp-interacting kinase 2	-1,01436
ppa007732m.ppb024585m	NA	-1,64005
ppa012865m	NA	5,79484
ppa000420m	phospholipid-transporting atpase 9-like	2,06875
ppa001601m	pho1-like protein	-1,59663
ppa005357m	protein	-1,61153
ppa007994m	NA	1,63707
ppa007794m	transferring glycosyl	-0,861071
ppa007907m	PREDICTED: uncharacterized protein LOC100262750	-0,780144
ppa007059m	regulator of vps4 activity in the mvb pathway protein	1,63759
ppa004666m	nitrite transporter	1,16193
ppa007032m	uv excision repair protein	0,991382
ppa010994m	NA	1,06104
ppa013354m	NA	-1,88686
ppa006906m	monoglyceride lipase	2,30655
ppa009806m	at1g68440 t2e12_1	2,4093
ppa020849m	NA	1,16388
ppa012394m	pinus taeda anonymous locus cl4264contig1_01 genomic sequence	1,90071
NA	NA	1,17769
ppa004624m	NA	1,59486
ppa011222m	repressor of rna polymerase iii transcription maf1-like protein	0,998544
ppa002528m	NA	-1,28687
ppa003297m	mitogen-activated protein kinase 9-like	1,33403
ppa002940m	phosphoglucomutase phosphomannomutase family protein	-0,899909
ppa012480m	NA	1,64148
ppa005944m	NA	-0,717053
ppa025736m	nahd dehydrogenase subunit	-0,676534
ppa005208m	NA	1,22993
ppa011318m	pectinesterase inhibitor	-1,30543
ppa007235m	NA	0,831589
ppa002921m	mac perforin domain-containing protein	1,10691
ppa010409m	vacuolar iron transporter	0,763517
ppa001577m	NA	1,07603
ppa000982m	probable receptor protein kinase tmk1-like	-0,753636
ppb002474m	NA	-0,66233
ppa003796m	phototropic-responsive nph3 family protein	-1,14933
ppa022325m	protein	-0,950572
NA	NA	1,46486
ppa007124m	hydroxymethylbilane synthase	-0,683535
ppa005756m	dnaj heat shock n-terminal domain-containing protein	1,16511
ppa011153m.ppa011908m	med30_arath ame: full=mediator of rna polymerase ii transcription subunit 30	-1,98764
ppa005755m	NA	-1,2043
ppa004027m	calcium-dependent protein kinase	1,42886
ppa006064m	NA	1,88911
ppa007634m	NA	1,69268
ppa009528m	NA	-1,04885
ppa008706m	prostaglandin e synthase	1,57999
ppa024785m	NA	-1,44084
ppa008483m	thaumatin-like protein 1-like	-2,30528

ppa002916m	NA	1,75326
ppa007441m	NA	1,17516
ppa012507m	NA	1,87172
ppa005582m.ppa014754		
m	inositol-pentakisphosphate 2-kinase-like	-1,2209
ppa009534m	NA	-0,842519
ppa007442m	leucine carboxyl methyltransferase	-1,00256
NA	NA	1,54888
ppa009859m	gns1 sur4 membrane family protein	1,63556
ppa022051m	af378856_1 at4g19390 t5k18_170	3,57404
ppa009203m	conserved hypothetical protein	1,26605
ppa002152m	NA	1,07749
ppa004169m	NA	1,15308
ppa021685m	myb family transcription factor-like protein	-0,77633
ppa001461m	nbs-lrr resistance protein	1,42333
ppa002969m	btb poz domain-containing protein npy1-like	-2,76038
ppa008824m	uncharacterized vacuolar membrane protein yml018c-like	1,21672
ppa003927m	mgdg synthase type a	-0,967834
ppa003700m	rieske iron-sulfur protein tic55	1,51767
ppa022249m	NA	-2,16883
ppa009735m	ferredoxin-like protein	-1,19888
ppa004414m	NA	2,04764
ppa026691m	chaperone -domain containing protein	-1,39148
ppa004598m	nol1 nop2 sun family protein	0,727835
ppa004917m	protein	2,06541
ppa011032m	cytokinin riboside 5 -monophosphate phosphoribohydrolase log8	0,919348
ppa005067m	ferrochelatase 1	1,35136
ppa008984m	NA	2,54593
ppa002376m	uncharacterized membrane protein ylr241w-like	0,952529
ppa007762m	transcription factor bhlh49	-1,30775
ppa016203m	NA	-1,51224
ppa011761m	NA	-0,770745
ppa010396m	adenine phosphoribosyltransferase 1	0,74468
ppa006780m	NA	1,77895
ppa008979m	NA	1,20363
ppa000680m	kinesin-like protein	-1,53518
ppa011634m	thioredoxin-like 4	-0,734979
ppa008231m	bri1 kinase inhibitor 1	0,936543
ppa006058m	probable protein phosphatase 2c 12-like	1,01386
ppa013361m	NA	1,78239
ppa025950m	tryptophanyl-trna synthetase	-1,44127
ppa007225m	monoglyceride lipase-like	0,785417
ppa002759m	pentatricopeptide repeat-containing protein	-0,735324
ppa020963m	protein	-1,12586
ppa007814m	transcription factor bzip	1,21206
ppa010817m	af385697_1 at5g10580 f12b17_70	-0,778714
ppa016327m	cyclic nucleotide gated channel	-1,17342
ppa008936m	at4g31410 f8f16_230	0,758125
ppa016354m	pentatricopeptide repeat-containing protein	1,85039
ppa009486m.ppa013999		
m	NA	2,0515
ppa008481m	NA	-1,88277
ppa005884m	e3 ubiquitin-protein ligase at4g11680-like	0,675349
ppa012418m	electron carrier electron transporter iron ion binding protein	-0,806305

ppa011688m	NA	2,86263
ppa024914m	NA	-3,94487
ppa023908m	dna binding	-1,82779
ppa017326m	NA	1,76885
ppa010683m	NA	1,1291
ppa017473m	NA	-2,33325
ppa000636m	NA	2,20199
ppa000570m	wd repeat-containing	0,747661
ppa009478m	protein	0,695968
ppa005712m	homeobox protein knotted-1-like 3-like	0,847389
ppa012209m	NA	0,801812
ppa001811m	atp binding	-0,951263
ppa004936m	amino acid permease	2,41506
ppa012981m	NA	1,47131
ppa002839m	beta-galactosidase 16-like	2,78036
ppa005622m	aspartyl protease-like protein	0,967154
ppa004751m	aldehyde dehydrogenase 3h1	0,833993
ppa008809m	iaa-amino acid hydrolase	3,27439
ppa002555m	chlorophyllide a chloroplastic-like	-0,926916
ppa003485m	NA	-1,98169
ppa011425m	NA	-1,48817
ppa007464m	NA	-0,993598
ppa005780m	NA	-1,77572
ppa001113m	NA	-4,20378
ppa013194m	salt tolerant protein	0,689045
ppa003971m	glycerol-3-phosphate acyltransferase	3,13636
ppa005093m	f-box kelch-repeat protein at1g22040-like	0,955422
ppa002519m	low affinity sulfate transporter 3-like	-0,725624
ppa000034m	acetyl- carboxylase	0,853512
ppa001675m	xylan 1 4-beta-xylosidase	-1,04668
ppa014738m	probable Irr receptor-like serine threonine-protein kinase at4g08850-like	2,19174
ppa004909m	NA	2,43866
ppa021058m	NA	-1,18505
ppa004956m	NA	-1,20421
ppa008008m	thylakoid luminal 29 kda chloroplastic-like	-1,20574
ppa024604m	NA	3,93677
ppa009419m	NA	-1,93186
ppa002259m	ferric reductase-like transmembrane component	-2,20028
ppa025682m	lipid-binding start domain-containing protein	-2,94512
ppa012389m.ppa021594m	NA	-0,884658
ppa006525m	NA	-0,803569
ppa008191m	NA	2,80537
ppa004379m	dihydropterin pyrophosphokinase dihydropteroate synthase	-0,987459
ppa014377m	protein	0,84324
ppb014724m	fructose- - cytosolic	-2,48658
ppa001657m	protein arc5	-0,761004
ppa003189m	NA	-0,747119
ppa001692m	beta-xylosidase 3	-0,68425
ppa007490m	12-oxophytodienoate reductase	1,89006
ppa007498m	12-oxophytodienoate reductase	1,32453
ppa009168m	protein	-1,69591
ppa005719m	PREDICTED: uncharacterized protein LOC100245533 isoform 1	-2,61087

ppa006683m	NA	0,666103
ppa001184m	receptor-like protein kinase hsl1-like	-0,682123
ppa001010m	receptor-like protein kinase haiku2	2,32281
ppa002728m	NA	-1,38752
ppa003362m.ppa020715		
m	pentatricopeptide repeat-containing protein at1g09900-like	-1,44087
ppa013163m	NA	0,982574
ppa007977m	mads box interactor-like	-2,00191
ppa010983m	ovarian cancer-associated gene 2 protein	1,11058
ppa022492m.ppa023558		
m	purine permease	1,4816
ppa006365m	NA	2,36272
NA	NA	-3,84873
NA	NA	-0,977477
NA	NA	2,36266
NA	NA	-1,63773
NA	NA	-2,64641
NA	NA	4,25087
NA	NA	1,87021
NA	NA	-1,00353
NA	NA	-3,23834
NA	NA	-1,88526
NA	NA	-2,33413
NA	NA	-1,71169
NA	NA	-1,98204
NA	NA	-1,9337
NA	NA	1,16087
NA	NA	-1,91216
NA	NA	-1,96813
NA	NA	1,09738
NA	NA	-1,32847
NA	NA	-1,27864
NA	NA	-3,01259
ppa010357m	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	-1,11247
ppa006038m.ppa009154		
m	NA	1,23436
ppa023309m	outward rectifying potassium channel	-0,815592
ppa010066m	NA	-2,40673
ppa007982m	galactinol synthase	3,15826
ppa002104m	boron transporter	2,60754
ppa006733m	protein phosphatase 2c 49	1,47449
ppa019384m	NA	-1,09144
ppa009154m	NA	1,99644
ppa017347m	NA	3,32897
ppa008208m	NA	0,639726
ppa011210m	srpbcc ligand-binding domain-containing protein	-0,810953
ppa012397m	NA	0,888629
ppa003617m	acyl:coa ligase acetate-coa synthetase-like protein	1,4096
ppa003732m	acyl:coa ligase acetate-coa synthetase-like protein	1,12634
ppa023928m	NA	2,06846
NA	NA	-0,962612
ppa000185m	NA	-0,984084
ppa002625m	alkaline neutral invertase	-0,741654
NA	NA	-2,26159

ppa004802m	selenium-binding protein	1,48346
ppa009792m	NA	-1,84664
ppa020422m	NA	2,39394
ppa005039m	NA	1,81377
ppa006595m	ethylene-responsive transcription factor abr1	Inf
ppa015494m	protein	1,13431
ppa019225m	pentatricopeptide repeat-containing	-1,04371
ppa004511m	polyamine oxidase	-2,96686
ppa002181m	transcription factor bzip37	0,741553
ppa009772m	structural constituent of ribosome	0,931586
ppa004618m.ppb023387m	serine carboxypeptidase ii-3	-1,24508
ppa002407m	crossover junction endonuclease mus81-like	-2,16449
ppa020404m	NA	-1,03775
ppb016461m	NA	-1,1112
ppa024620m.ppb016840m	NA	-1,1154
ppa003990m	amidohydrolase family protein	-0,882905
ppa005140m	mate efflux family protein	1,83013
ppa005966m	aspartic proteinase nepenthesin-1	-1,57884
ppa008412m	NA	2,22144
ppa006848m	auxin-induced protein	-1,83379
ppa003468m	NA	1,27863
ppa000391m	NA	0,923997
ppa010412m	NA	0,963893
ppa016761m	2-dehydro-3-deoxyphosphogluconate aldolase 4-hydroxy-2-oxoglutarate aldolase	-1,03881
ppa021637m	NA	1,50656
ppa001444m	pentatricopeptide repeat-containing protein at1g11290-like	-1,27425
ppa001918m	subtilisin-like protease-like	-0,751776
ppa013504m	NA	-1,19757
NA	NA	-1,56257
ppa005831m	type i inositol- -trisphosphate 5-phosphatase cvp2-like	-1,37785
ppa014417m	NA	1,74475
ppa007116m	trna-dihydrouridine synthase a	-0,797806
ppa025628m	NA	Inf
ppa014472m	protein	1,09941
ppa007378m	siroheme synthase-like	-1,09088
ppa001631m	NA	2,76989
ppa001634m	NA	1,57959
ppa002321m	serine threonine protein kinase	0,659438
ppa022082m	40s ribosomal protein s13	1,07166
ppa020929m	myosin-h heavy chain-like	-1,38352
ppa003241m.ppb020966m	NA	1,30637
ppa008484m	NA	1,3661
ppa002109m	myotubularin-related protein 2-like	-0,671343
ppa003239m	nac domain ipr003441	0,732385
ppa023930m	NA	2,62779
ppa020329m	NA	2,95027
ppb023403m	NA	2,40491
ppa003915m	pectin methylesterase	1,08638
ppa011115m	NA	0,806745
ppa015795m	pentatricopeptide repeat-containing protein	-1,58554
ppa021368m	glucose-6-phosphate phosphate translocator chloroplast	-0,655385

ppa025893m	NA	1,62659
ppa016169m.ppa024843m	NA	1,4651
ppa009016m	hydrolase-like protein	-0,837087
ppa002893m	protein wax2-like	0,937013
ppa010334m	protein	-0,923252
ppa021294m	e3 ubiquitin-protein ligase atl4-like	1,93995
ppa011691m	atp synthase delta	0,801357
ppa013788m	NA	1,11124
ppa018804m	nucleotide-diphospho-sugar transferase domain-containing protein	1,04079
ppa021699m	NA	3,12546
ppa001262m	bzip protein	-0,756207
ppa001802m	elongation factor g	0,734677
ppa005629m	NA	-1,17078
ppa010111m	phosphorus starvation-induced protein	1,6459
ppa014915m	NA	2,86004
ppa012367m	saur family protein	1,01228
ppa021878m	conserved hypothetical protein	-1,29635
ppa006397m	integral membrane single c2 domain protein	-0,847335
ppa025117m	protein	-1,18056
ppa027143m	subtilisin-like protease-like	-2,44615
ppa000580m	phospholipase d	0,85895
ppa010140m	NA	2,08234
ppa003145m	probable methyltransferase pmt13-like	-1,10255
ppa001436m	homeobox-leucine zipper protein anthocyaninless 2-like	-0,888778
ppa007521m	e3 ubiquitin-protein ligase	0,733259
ppa007514m.ppa016987m	fused signal recognition particle receptor	-0,684027
ppa009290m	(+)-neomenthol dehydrogenase	1,84736
ppa026931m	(+)-neomenthol dehydrogenase	1,98333
ppa002638m	ac009273_16ests gb	1,12115
ppa000771m	NA	0,772107
ppa008510m	aquaporin pip1-2	-1,11873
ppa004571m	er glycerol-phosphate acyltransferase	-1,12168
ppa007292m	beta-cyanoalanine synthase	-1,27934
ppa005180m	NA	-2,68824
ppa004322m	peptidase family protein	0,798643
ppa012940m	NA	2,29451
ppa012949m	NA	1,73533
ppa000692m	transferring glycosyl	-0,803811
NA	NA	3,77013
ppa026267m	phosphatidylinositol-4-phosphate 5-	-1,51107
ppa006173m	NA	3,21962
ppa005866m	NA	-2,38191
ppa018729m	pentatricopeptide repeat-containing protein	-1,01791
ppa015542m	btb poz domain-containing protein	-1,1748
ppa003240m.ppb011540m	phosphoinositide 4-kinase gamma 4	1,00076
ppa026139m	ap2 erf domain-containing transcription factor	-0,809059
ppa011631m	NA	1,29747
ppa010132m	NA	1,14897
ppa004680m	NA	1,05582
ppa012518m	NA	-0,849083
ppa006041m	NA	-4,62097

ppa012395m	thylakoid membrane phosphoprotein	-1,27058
ppa003600m	pectate lyase	-1,89258
ppa007240m	cysteine proteinase	1,43125
ppa003746m	vacuolar amino acid transporter 1-like	-0,667246
ppa013895m	c3hc4-type ring finger protein	-1,44292
ppa005245m	dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase subunit 1-like	0,672038
ppa002022m	pleckstrin homology and lipid-binding start domain-containing protein	-1,10766
ppa007936m	NA	-1,18887
ppa009540m	NA	1,52608
ppa010728m	NA	2,47898
ppa001443m	mitochondrial substrate carrier family protein	-0,940077
NA	NA	2,05607
ppa022467m	protein	-1,08312
ppa010643m	NA	-1,2498
ppa010364m	mip tip subfamily	3,03314
ppa024599m	NA	1,7523
ppa011122m	thylakoid luminal 15 kda chloroplast	-0,656802
ppa006174m	protein phosphatase 2c	0,78874
ppa005171m	zinc finger	-0,830649
ppa001357m	folylpolyglutamate synthase	-0,83207
ppa002172m	NA	-1,19819
ppa020430m	NA	-1,37364
ppa006379m	NA	-1,2137
ppa005447m	udp-glycosyltransferase-like protein	2,5632
ppa008488m	n-acetylglucosaminyltransferase-like protein	0,938456
ppa005060m	cytochrome p450	1,28831
ppa002415m	zinc finger ccch domain-containing protein	0,961457
ppa007366m	probable protein phosphatase 2c 25-like	1,39771
ppa019802m	NA	-1,58514
ppa001873m	chloroplast lumen common protein family	-1,16201
ppa014747m	NA	-1,02436
ppa012668m	transcription factor bhlh93	-1,26186
ppa003244m	probable peptide nitrate transporter at2g40460-like	-0,730837
ppa010748m	manganese superoxide dismutase	0,691828
ppa012213m.ppa017239		
m	NA	-1,2836
ppa011446m	NA	0,777702
ppa026949m	glycerol-3-phosphate dehydrogenase	-1,68466
ppa009785m	methyl esterase 17	1,67296
ppa000661m	NA	-0,81078
ppa010186m	NA	2,1193
ppa022802m	ap2 transcription factor	-2,99994
ppa000681m	receptor protein kinase clavata1	-0,901257
ppa014748m	2-phosphoglycerate kinase-related protein	-1,52549
ppa007023m	haloacid dehalogenase-like hydrolase domain-containing protein	-2,38004
ppa012039m	low psii accumulation2 protein	-1,1866
ppa002373m	receptor-like protein kinase	-2,02653
ppa003851m	xyloglucan galactosyltransferase	0,645396
ppa010782m	embryo-specific protein	0,773722
ppa1027166m	subtilisin-like protease	-1,42127
ppa002702m	receptor-like serine threonine-protein kinase at2g45590-like	0,904627
ppa026623m	cxe carboxylesterase	2,05861

ppa006628m	fructokinase	1,09668
ppa010645m	NA	1,61567
ppa007458m	sorbitol dehydrogenase	0,877791
ppa015240m	conserved hypothetical protein	-1,27599
ppa006959m	NA	-1,01063
ppa022446m	dihydrodipicolinate reductase	-0,861616
ppa001261m	protein seuss-like 2	0,91725
ppa022067m	protein	-1,99623
ppa001989m	cap160 protein	3,46714
ppa005169m	kDEL motif-containing protein 1	1,08425
ppa020964m	prolyl-tRNA synthetase	-0,669555
ppa013273m	NA	1,6466
ppa005075m	NA	0,918924
ppa016330m	NA	-1,415
ppa005062m	s-type anion channel slah3-like	-1,98987
ppa002592m	pyruvate kinase	0,892103
ppa000113m	NA	-1,32866
ppa011404m	calcineurin B-like protein 4	0,809295
ppa009349m	nuclear migration protein nudC	0,670864
ppa009719m	cct motif family protein	1,1489
ppa016016m	NA	2,82882
ppa007399m	spermine synthase	2,08507
ppa012542m	plastid transcriptionally active7	-1,07719
ppa010351m	senescence-associated protein din1	-1,00741
ppa013232m	cytochrome b5	1,65366
ppa001618m	DNA mismatch repair protein	-0,771247
ppa013005m	NA	0,877749
ppa009597m	rubredoxin family protein	-1,06328
ppa011335m	ER lumen protein retaining	1,74482
ppa004393m	RNA polymerase sigma subunit 1	-0,744979
ppa004553m	ribosomal protein s5 family protein	1,0355
ppa004503m	NA	-2,12089
ppa017025m	RNA polymerase sigma factor	-0,779024
ppa004221m	alpha beta hydrolase-fold family protein	2,18826
ppa004120m	Cytokinin oxidase	1,53841
ppa010001m.ppa013940		
m	NA	-1,2841
ppa025335m	NA	1,84255
ppa003298m	probable peptide nitrate transporter at3g54450-like	1,87141
ppa013276m	NA	2,76286
ppa013860m	NA	2,15923
ppa008273m	NA	1,57017
ppa020518m.ppa023635		
m	NA	1,39912
ppa012544m.ppa025584		
m	protein	-0,870031
ppa004919m	protein zinc induced facilitator-like 1-like	1,41481
ppa001671m	Ileucine-rich repeat	-2,45103
ppa009825m	chlorophyll b reductase chloroplastic-like	-0,85253
ppa012848m	NA	-0,902304
ppa010370m	Thylakoid luminal 19 kDa protein	-0,690283
ppa007530m	NA	-1,60819
ppa013260m	thioredoxin-like protein clot	0,853852
ppa003424m	duf246 domain-containing protein at1g04910-like	1,87834

ppa002430m	NA	1,03225
ppa007942m	protein n-terminal asparagine amidohydrolase	0,723963
ppa000074m	callose synthase	1,32277
ppa003630m	atp binding	-1,34809
ppa004373m	cytochrome p450 77a3-like	-2,29185
ppa010096m.ppa025704		
m	hypothetical protein RCOM_1516730	0,845932
ppa021712m	NA	1,9036
ppa011518m.ppa017994		
m.ppa020110m	NA	2,20084
ppa003313m	NA	1,77512
ppa011130m	50s ribosomal protein l3	-1,37337
ppa011162m.ppb011805		
m	NA	-1,16349
ppa004847m	probable serine threonine-protein kinase at4g35230-like	1,54214
ppa015125m	NA	-0,653568
ppa011710m.ppa025294		
m	NA	-0,878765
ppa002770m	protein wax2-like	1,49578
ppa007245m	purine permease 11	0,849145
ppa026766m	NA	2,37854
ppa020548m	NA	-0,87607
ppa011642m	cyclin-dependent protein	-1,53623
ppa026232m	NA	-1,24596
ppa024663m	NA	2,06667
ppa001826m	protein kinase g11a-like	-1,00311
ppa011530m	at4g00030-like protein	-1,08911
ppa024626m	NA	-1,74063
ppa014159m	protein transport protein sec61 subunit beta	0,944439
ppa001781m	NA	-1,07687
ppa013286m	proline-rich protein	-2,64548
ppa010720m	vesicle-associated membrane	-1,69576
ppa010905m	NA	-1,51584
ppa011887m	tRNA 2 -phosphotransferase	-1,09561
ppa011587m	protein	1,46127
ppa018787m	pentatricopeptide repeat-containing protein	-0,996456
ppa020346m	protein little zipper 2	-2,29077
ppa001708m	NA	-0,667399
ppa006158m	fasciclin-like arabinogalactan protein	-3,02662
ppa002418m	alpha- L-galacturonosyltransferase 1-like	-0,70158
ppa011624m	NA	-1,04621
ppa009695m	f-box family protein	-1,09854
ppa008388m	at-hook dna-binding protein	-1,72985
ppa025228m	NA	1,70169
ppa000999m	NA	2,58717
ppa026114m	skp1-like protein 21-like	-0,644557
ppa021135m	PREDICTED: uncharacterized protein LOC100244782	0,793894
ppa001421m	NA	0,651346
ppa004985m	protein kinase family protein	-0,845164
ppa008029m	NA	1,07815
ppa024455m	delta-8 sphingolipid desaturase	-1,64953
ppa010447m	af361857_1 at2g46220	-0,803298
ppa026927m	class iii chitinase	1,89995
ppa007486m	gdsl esterase lipase	-1,11817
ppa014010m	agp16 precursor	-2,65397

ppa014138m	NA	-1,63146
ppa007708m	NA	1,34356
ppa000743m	histone-lysine n-methyltransferase atx4-like	-0,726321
ppa025888m	lob domain-containing protein	2,19045
ppa009439m	NA	1,90882
ppa003997m	cytochrome p450	-1,39453
ppa010647m.ppa021193m	homeobox-leucine zipper protein athb-12	6,04613
ppa004080m	protein iq-domain 18	-1,63142
ppa002955m	NA	-1,24448
ppa004107m	protein cca1	-1,37978
ppa006786m	probable inactive purple acid phosphatase 29-like	1,28983
ppa000178m	suppressor of	-0,638929
ppa017975m	NA	5,57716
ppa000204m	probable lysine-specific demethylase elf6-like	-0,678372
ppa002328m	NA	1,35536
ppa008034m	protein	1,2661
ppa011919m	fkbp-type peptidyl-prolyl cis-trans	-1,14109
ppa011276m	NA	1,51149
ppa003217m	ankyrin repeat-containing	0,778641
ppa013960m	plant-specific domain tigr01589 family protein	-1,30546
ppa010690m	thylakoid lumenal kda chloroplast	-1,21115
ppa022268m	-like protein 2	-0,858843
ppa013105m	NA	0,880178
ppa010997m	predicted protein	-1,41618
ppa005160m	glucan endo- -beta-glucosidase	1,77185
ppa006030m	aspartic proteinase nepenthesin-2-like	2,02116
ppa006881m	NA	1,78363
ppa005096m	protein	0,810064
ppa002503m	probable methyltransferase pmt11-like	-0,78165
ppa002098m	NA	2,21961
ppa009988m	yipf1-like protein	0,739321
ppa011294m	NA	-1,26147
ppa014695m	NA	3,18266
ppa004724m	rop guanine nucleotide exchange factor 1-like	-1,11098
ppa009449m	NA	1,03071
ppa005392m	binding protein	3,47267
ppa004978m	nematode-resistance protein	1,71223
ppa009686m	chlorophyll a-b binding protein	-1,18727
ppa009189m	protein	0,66918
ppa015349m	protein kinase	1,36693
ppa007719m	leucoanthocyanidin dioxygenase	3,77749
ppa005645m	NA	-1,68082
NA	NA	1,06443
ppa001281m	udp-glucose pyrophosphorylase 3	-0,761939
ppa002525m	NA	1,20353
ppa003289m	probable methyltransferase pmt23-like	-2,22596
ppa025240m	abscisic acid receptor pyl4	-2,0357
ppa014222m	NA	1,11953
ppa008820m	NA	2,41654
ppa018358m	NA	-1,17967
ppa010382m	NA	-2,76434
ppa011476m	chalcone isomerase	2,29814
ppa000889m	probably inactive leucine-rich repeat receptor-like protein kinase	-0,95198

at3g28040-like		
ppa012715m	NA	3,608
ppa021789m	NA	1,45809
ppa003983m	NA	-1,17661
ppa002812m	NA	-1,50745
ppa011572m	cyclin-dependent protein	-1,3516
ppa003986m	6-phosphofructokinase 4	1,63376
ppa014581m	derlin- -like	1,91528
ppa003312m	ceramide kinase	1,0402
ppa016853m	hexose carrier	1,4445
ppa006977m.ppa008633		
m	quinone oxidoreductase 1	0,789032
ppa022507m	protein	-1,38076
ppa011831m	NA	-1,21768
ppa002337m	NA	-0,718064
ppa001731m	protein	-1,00756
ppa005739m	enolase	1,12568
ppa016972m	NA	-3,07692
ppa023537m	protein	1,24524
ppa006985m	NA	-0,717129
ppa020970m.ppb021331		
m	Peroxidase 66	-1,78342
ppa013811m	NA	3,23087
NA	NA	-0,930395
ppa009523m	NA	0,968259
ppa004822m	mate efflux family protein	1,14267
ppa014682m	protein transparent testa 12-like	1,98425
ppa014767m	ferric reduction oxidase 4	-1,13968
ppa026735m	protein	-0,771701
ppa007305m	pentatricopeptide repeat-containing protein	-0,866904
ppa010648m	NA	-2,73586
ppa009328m	NA	2,62011
ppa007986m	NA	1,6705
ppa018100m	NA	-1,7468
ppa003047m	pectinesterase family protein	-2,11943
ppa009577m	NA	-1,30056
ppa013862m	PREDICTED: uncharacterized protein LOC100250448	0,928479
NA	NA	-3,65938
ppa018910m	NA	1,6616
ppa011221m	homeobox-leucine zipper protein athb-12	1,7492
ppa006808m	rna-binding protein	1,03216
ppa026850m	protein	2,34884
ppa009612m	30s ribosomal protein	0,817193
ppa007511m	NA	1,06396
ppa005643m	iaa-amino acid hydrolase ilr1-like 5-like	0,780187
ppa007076m	nac domain protein	0,849179
ppa005781m	uncharacterized calcium-binding protein at1g02270-like	-1,24673
ppa013385m	NA	0,874261
ppa001446m	rela spot homologous protein rsh2	-1,16135
ppa022401m	NA	0,870601
ppa004625m.ppa006768		
m	target of myb protein 1	0,88469
NA	NA	-1,65086
NA	NA	-1,11295

NA	NA	-1,51303
NA	NA	2,38672
NA	NA	2,06006
NA	NA	2,79656
NA	NA	-2,37419
NA	NA	-2,64406
NA	NA	-1,55949
NA	NA	0,968511
NA	NA	1,59667
NA	NA	-1,86943
NA	NA	-1,74491
NA	NA	-2,59885
NA	NA	2,86115
ppa004139m	acyl:coa ligase acetate-coa synthetase-like protein	2,72164
ppa017606m	NA	-1,0375
ppa006398m	glutamate decarboxylase	2,00968
ppa006945m	NA	0,668014
ppa010796m	NA	4,18458
ppa005362m	protein	-1,48635
ppa007199m	low psii accumulation 3 protein	-1,08219
ppa005872m	anthranilate n-benzoyltransferase	0,805717
ppa005910m	hydroxycinnamoyl shikimate quinate hydroxycinnamoyltransferase	1,76885
ppa012290m	NA	0,809813
ppa005040m	aspartic proteinase nepenthesin-1-like	-2,74847
ppa003747m	NA	1,59608
ppa019252m	NA	4,13786
ppa022358m	probable Irr receptor-like serine threonine-protein kinase at4g08850-like	1,55046
ppa010471m	thaumatin-like protein	3,15788
ppa015089m	protein	2,8319
ppa009917m.ppa016241		
m.ppa022329m	NA	0,815412
ppa027030m	nicotinamide mononucleotide adenylyltransferase	1,35434
ppa025074m	gdp-mannose transporter gonst3-like	-0,805483
ppa012883m	dehydration-induced protein erd15	0,887702
ppa019234m	apurinic endonuclease-redox protein	-0,80707
ppa016907m	NA	-1,03568
ppa021605m.ppa025005		
m.ppa025048m.ppa0264		
36m.ppb018698m	NA	-1,28182
ppa011265m	abscisic acid -deficient 4 protein	-1,77318
ppa012612m	calmodulin-related protein	1,32119
ppa012484m	NA	1,62613
ppa009705m	conserved hypothetical protein	0,860712
ppa007480m	aspartic proteinase nepenthesin-1	2,58229
ppa004363m	citrate synthase	0,742651
ppa005380m	integrin-linked protein kinase family protein	-0,897953
ppa001053m.ppa018151		
m	NA	-0,938621
ppa022982m	magnesium transporter -like family protein	-0,763835
ppa011966m	protein	-0,7273
ppa006596m	NA	-1,89736
ppa017228m	phytochrome interacting factor 4	-1,94644
ppa005584m	probable polyamine oxidase 2-like	0,869373

ppa018557m	NA	1,01353
ppa005290m	NA	1,91273
ppa011011m	otu-like cysteine protease family protein	0,879229
ppa001180m	NA	0,797722
NA	NA	1,16353
ppa026774m	NA	-2,8791
ppa013552m	NA	-1,32692
ppa001727m	subtilisin-like protease	-1,8628
ppa012611m	ring u-box domain-containing protein	2,72764
ppa004667m	set domain-containing protein	-0,670657
ppa010256m	transmembrane emp24 domain-containing protein	0,738079
ppa007741m	NA	2,54809
ppa007646m	beta- n-acetylglucosaminyltransferase ii	0,732554
ppa003253m	glucose-6-phosphate dehydrogenase	-0,72314
ppa003301m	potyviral vpg interacting protein 2	0,94765
ppa000361m	histidine kinase 3	-0,809635
ppa004562m	protein dgcr14	0,651321
ppa010321m	fasciclin-like arabinogalactan protein	-1,27307
ppa002399m	fimbrin-like protein 2-like	-0,735551
ppa007953m	NA	-2,06496
ppa011082m	NA	1,74702
ppa003023m	NA	0,745835
ppa004799m.ppb018041		
m	NA	1,3051
ppa002619m	NA	2,3217
ppa006485m	NA	4,05988
ppa008516m	peroxidase 27	0,732933
ppa004334m	NA	-1,31243
ppa016112m	NA	-2,0722
ppa003887m	NA	-0,999516
ppa009942m	col domain class transcription factor	-0,646754
ppa002279m	outer arm dynein light chain 1 protein	-1,11665
ppa026553m	NA	3,57488
ppa018615m	equilibrative nucleoside transporter	1,75827
ppa009993m	NA	-2,35684
ppa006201m	folic acid binding transferase	-0,869985
ppa007143m	lipoic acid synthase	-0,721258
ppa019390m	NA	-2,12005
ppa012425m	thylakoid luminal protein chloroplastic-like	-1,52631
ppa013329m	NA	3,32349
ppa004722m	proline dehydrogenase	1,29284
ppa014464m	protein	1,78342
ppa002897m	nsp-interacting kinase 1	-0,936806
ppa021437m	amino acid transporter	1,56883
ppa019352m	receptor-like protein kinase feronia-like	2,23292
ppa001157m	NA	0,715312
ppa001190m	receptor-like protein kinase feronia-like	0,924923
ppa016279m	feronia receptor-like kinase	1,22001
ppa007590m	NA	-0,824133
ppa000735m	protein	-1,51734
ppa007375m	ninja-family protein afp2-like	2,08254
ppa012522m	chlororespiratory reduction 7	-1,06651
ppa006338m	NA	2,79425
ppa008650m	chorismate mutase	0,865678

ppa017224m	plastid division regulator	-2,93753
ppa010654m	NA	-1,71909
ppa010896m	NA	1,63494
ppa008908m	zf-hd homeobox protein at4g24660-like	-0,689269
ppa005314m	protease do-like 8	-1,01848
ppa027069m	NA	4,86446
ppa019180m	NA	-1,92106
ppa021573m	auxin efflux carrier component	-1,86055
ppa020396m	NA	2,07117
ppa005564m	NA	-1,16849
ppa000356m	abc transporter b family member	1,25893
ppa007162m	probable galacturonosyltransferase-like 9-like	3,38899
ppa000515m	chloroplastic group iia intron splicing facilitator chloroplastic-like	-0,60663
ppa012986m	ferredoxin-thioredoxin reductase	-0,813636
ppa021785m	protease do-like 9-like	1,39665
ppa005738m	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase cyp38	-1,37425
ppa008712m	NA	0,676798
ppa008680m	NA	4,12911
ppa005221m	high affinity nitrate transporter	2,24117
ppa001744m	protein	3,49272
ppa009111m	glucose-6-phosphate 1-epimerase	0,924055
ppa018989m	NA	1,34643
ppa009561m	protein	-0,929455
ppa007934m	succinate dehydrogenase	0,72418
ppa010894m.ppa024088m	cystinosin homolog	1,12175
ppa011793m	protein	2,37127
ppa004323m	glucose-6-phosphate dehydrogenase	0,784408
ppa002307m	NA	-1,23541
ppa005662m	lysine histidine transporter 1	2,49483
ppa016172m	lysine histidine transporter 1	-0,66373
ppa002683m	probable inactive leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at3g03770-like	-2,31934
ppa001023m	unnamed protein product	-1,07136
ppa025431m	NA	Inf
ppa010921m	NA	0,958942
ppa017323m	plastocyanin-like domain-containing protein	-0,919748
ppa008505m	protein	-2,59483
ppa011695m	50s ribosomal protein l27	-0,930667
ppa002401m	yellow stripe-like protein	0,729314
ppa005796m	amino acid binding	-1,20351
ppa002575m	protein	0,715289
ppa003561m	precursor monofunctional aspartokinase	1,11537
ppa010008m	protein	-0,792781
ppa005083m	NA	-0,954666
ppa009966m	p-type r2r3 myb protein	1,26004
ppa011832m	NA	-2,12685
ppa012366m	NA	-1,34708
ppa012860m	chaperone protein dnaj chloroplast	1,55245
ppa014144m	NA	-1,71461
ppa004652m	integral membrane transporter family protein	-0,982027
ppa007077m	ribulose bisphosphate carboxylase oxygenase chloroplastic-like	-0,734731
ppa014688m	NA	-2,78222
ppa020444m	NA	-1,08465

ppa006729m.ppa023268			
m	serine threonine-protein kinase	-1,16046	
ppa023632m	NA	1,30187	
ppa008891m	tryptophan synthase alpha chain	4,69614	
ppa019700m	tryptophan synthase alpha chain	2,53439	
ppa020184m	tryptophan synthase alpha chain	Inf	
ppa002429m.ppa009823			
m	NA	0,905031	
ppa001732m	subtilisin-like protease	-0,892217	
ppa013890m	non-specific lipid-transfer protein 2-like	1,3055	
ppa010479m	thaumatin-like protein	1,60736	
ppa026329m	NA	1,60597	
ppa003377m	2-hydroxyacyl- lyase	1,21192	
ppa013904m	10 kda chaperonin	1,12588	
ppa026408m	methionyl-trna formyltransferase	-0,918245	
ppa012662m	NA	-1,29558	
ppa012714m	NA	-0,849243	
ppa009617m	NA	0,729056	
ppa008918m.ppa019902			
m	NA	0,999525	
ppa004119m	probable polyol transporter 4-like	0,905139	
ppa021711m	drought responsive element binding protein 5	2,3799	
ppa021818m	NA	2,19106	
ppa014312m	NA	5,29218	
ppa007075m	u-box domain-containing protein 4-like	0,891958	
ppa019046m	NA	-1,45018	
ppa003153m	protein	2,13372	
ppa003326m	gex1_arath ame: full=protein gamete expressed 1 flags:		
ppa000942m	precursor	3,27049	
ppa012959m	receptor protein	-1,15595	
ppa002254m	glutathione s-transferase	0,681521	
ppa017871m	probable xyloglucan glycosyltransferase 5-like	-1,09732	
ppa002417m	receptor-like protein kinase	2,70638	
ppa020302m	udp-glucose -dehydratase	-0,839989	
ppa007649m	phy rapidly regulated 1	-2,9321	
ppa026381m	NA	-1,43554	
ppa003547m	NA	-2,20348	
ppa005851m	aspartic proteinase nepenthesin-2-like	2,17776	
ppa002261m	4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase	1,93339	
ppa004566m.ppa017545	tetratricopeptide repeat protein 7a-like	-1,07389	
m	transparent testa 12	1,08787	
ppa004445m	transparent testa 12	3,34046	
ppa002047m	NA	2,08114	
ppa024492m	carbohydrate-binding x8 domain-containing protein	-1,4738	
ppa007779m	NA	1,61624	
ppa021766m	NA	2,14998	
ppa014391m.ppb016552			
m	NA	1,96087	
ppa023196m	uncharacterized membrane protein at3g27390-like	1,58763	
ppa006513m	NA	1,3124	
ppa013542m	protein	-1,3718	
ppa012812m	NA	1,97732	
ppa003564m	zinc finger ccch domain-containing protein 18-like	-2,38068	
ppa013325m	sterile alpha motif domain-containing protein	0,859288	

ppa010211m	thymidine kinase-like	-1,96564
ppa012116m	NA	1,94708
ppa009367m	eukaryotic translation initiation factor 3 delta subunit	-1,05973
ppa026476m	lipid-a-disaccharide synthase	-0,933885
ppa025611m.ppa027105		
m.ppb024555m	NA	-2,47306
ppa008791m	NA	2,3049
ppa003573m	protein	1,45216
ppa009061m	palmitoyl-monogalactosyldiacylglycerol delta-7 desaturase	-0,732059
ppa005206m	glucan endo- -beta-glucosidase	-2,37293
ppa001823m	NA	0,859895
ppa006581m	nucleobase-ascorbate transporter 1-like	-1,78408
ppa011161m	b-cell receptor-associated 31-like protein	0,681366
NA	NA	0,745978
ppa011252m	protein	-1,88865
ppa025712m	NA	1,36933
ppa026633m	adenine nucleotide alpha hydrolases-like partial	1,5972
ppa012851m	NA	2,18093
ppa008931m	d6-type cyclin	-2,51606
ppa008626m	uncharacterized gpi-anchored protein at4g28100-like	-1,3137
ppa003367m	nahd dehydrogenase	1,01331
ppa023818m	protein	1,99401
ppa001617m	protein strubbelig-receptor family 3-like	-0,975537
ppa003163m	probable indole-3-acetic acid-amido synthetase -like	-0,82554
ppa023037m	NA	-Inf
ppa007489m	rhomboid-related intramembrane serine protease-like protein	-0,93834
ppa010553m	NA	-1,81235
ppa012079m	NA	3,66839
ppa010133m	NA	1,55993
ppa004860m	6-phosphogluconate dehydrogenase	1,19461
ppa019630m	receptor-like protein kinase feronia-like	1,79977
ppa007239m	protein	0,879062
ppa005351m	NA	-1,3473
ppa011285m	dsba oxidoreductase family protein	0,98854
ppa007756m	NA	2,61152
ppa005522m	protein cobra-like	2,18511
NA	NA	2,1866
ppa000827m	alpha- glucan phosphorylase I chloroplastic amyloplastic-like	1,50066
ppa005586m	PREDICTED: uncharacterized protein LOC100268024 isoform 1	-0,710368
ppa026630m	NA	1,05336
ppa008873m	pectinesterase	0,897115
ppa011701m	NA	2,82924
ppa014215m	NA	-1,90351
ppa004451m	NA	0,655569
ppa006034m	vacuolar amino acid transporter 1-like	1,02169
ppa005626m	NA	-2,00443
ppa000931m	plasma membrane h+-atpase	1,14175
ppa000633m	phosphoglycerate mutase-like-like protein	-2,00346
ppa005005m	NA	1,02557
ppa004374m.ppa004415		
m.ppa016056m.ppa0185		
76m	NA	1,46434
ppa004691m	atp binding	1,80488
ppa005145m	at1g10410 f14n23_31	1,94216

ppa003100m	protein	0,83141
ppa023859m	NA	-6,29844
ppa008577m	peroxidase 31	-1,10174
ppa024391m	protein	0,950028
ppa003247m	protein	0,886362
ppa012083m.ppa012346		
m	NA	-0,701315
ppa003114m	potassium transporter 8-like	0,719908
ppa006791m	formate dehydrogenase	2,27904
ppa008078m	exonuclease-like protein	2,39571
ppa009500m	NA	1,15227
ppa000430m	aminophospholipid atpase	1,70694
ppa011994m	ribosomal protein l12	-0,89369
ppa009490m	phosphate phosphoenolpyruvate translocator	-0,937359
ppa013724m	glutaredoxin	0,798719
ppa018869m	NA	-0,641406
ppa007107m	gdsl esterase lipase at5g14450-like	-0,835057
ppa021457m	gdsl esterase lipase at5g14450-like	-2,43576
ppa009766m	prohibitin	0,79363
ppa010530m	transcription regulator	0,772558
ppa009829m.ppa012719		
m	NA	1,99324
ppa011042m	ribulose-phosphate 3-epimerase	0,634107
ppa003193m	nodulin family protein	-1,0949
ppa013521m	NA	-2,00738
ppa008079m.ppa009624		
m	esterase lipase thioesterase family protein	1,18151
ppa010586m	gem-like protein 5	2,62151
ppa000707m	lysosomal alpha-	0,803864
ppa023700m	protein kinase family protein	-2,1041
NA	NA	-2,19836
NA	NA	-0,974723
NA	NA	1,31746
NA	NA	2,3549
NA	NA	1,86311
NA	NA	3,18743
NA	NA	-6,30604
NA	NA	-4,67482
NA	NA	-2,00778
ppa009196m	haloacid dehalogenase-like hydrolase domain-containing protein	1,00124
ppa018766m	polyphosphoinositide binding protein ssh1p	0,966479
ppa002169m	pentatricopeptide repeat-containing protein chloroplastic-like	-1,37051
ppa006776m	auxin-responsive protein	3,37597
ppa007152m	phosphatidate cytidylyltransferase	0,899398
ppa009086m	NA	1,19244
ppa007820m	immutans protein	0,80959
ppa002635m	e3 ubiquitin-protein ligase cop1	-0,893875
ppa003518m	pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit beta-like	0,846533
ppa015874m	NA	-0,772899
ppa017710m	50s ribosomal protein l4	-2,4748
ppa000869m	leucyl-tRNA synthetase	-0,942529
ppa003574m	wrky transcription factor 6-like	2,1563
ppa008503m	NA	-1,07641
ppa005381m	uncharacterized gpi-anchored protein at1g61900-like	-0,656045

ppa009245m	xyloglucan endotransglucosylase hydrolase protein a	-1,80862
ppa022109m	NA	3,15914
ppa003904m	NA	1,22034
ppa026781m	NA	2,18609
ppb018758m	NA	2,24498
ppa025278m	NA	0,651942
ppa011428m	NA	1,33928
ppa005423m	sulfite exporter family protein	-1,70677
ppa008295m	NA	1,92145
ppa003423m	alpha-farnesene synthase	2,17067
ppa1027188m	NA	-1,40679
ppa002670m	NA	4,60872
ppa003380m	NA	5,18623
ppa016047m	NA	1,52395
ppa013577m	NA	-2,14003
ppa025788m	NA	1,667
ppa006222m.ppa024729		
m	NA	1,07067
ppa000920m.ppa015395		
m.ppa019260m	NA	-1,45839
ppa014141m	NA	2,7166
ppa026297m	receptor-interacting protein	-0,945954
ppa010151m	vesicle-associated membrane family protein	0,771722
ppa007964m	protein	1,25272
ppa012223m	f-box protein skip27	2,01285
ppa003286m	nadh dehydrogenase	3,25036
ppa004219m	hexose transporter	-1,30696
ppa003771m	probable nadh dehydrogenase-like	1,99835
ppa012753m	glycine-rich protein	-2,40274
ppa022943m	NA	2,42965
ppa008997m	NA	0,827678
ppa018351m	protein	1,10522
ppa004531m	probable allantoinase 1-like	1,36762
ppa001018m	dna mismatch repair protein 2	-0,64029
ppa001082m	NA	2,4215
ppa002577m	I-type lectin-domain containing receptor kinase -like	-1,4671
ppa009430m	NA	1,16938
ppa011198m	NA	1,12597
ppa000818m	NA	1,47703
ppa018214m	NA	3,31414
ppa007978m	protein	0,727819
ppa012533m	heat- and acid-stable phosphoprotein	1,88905
ppa012014m	NA	2,33853
ppa021128m	NA	3,55731
ppa009395m	calmodulin binding	-0,695438
ppa011200m	nudix hydrolase 15	1,58252
ppa019092m.ppa022774		
m	gdsl esterase lipase	-1,04724
ppa003051m	protein chup1	-3,26481
ppa011477m	50s ribosomal protein l34	-0,666596
ppa013388m	NA	-2,96998
ppa002450m	leucine-rich repeat receptor-like protein kinase	-1,9324
ppa027008m	dog1 alpha splice variant	-2,61026
ppa005365m	serine-threonine kinase	-1,50438

ppa002354m	probable Irr receptor-like serine threonine-protein kinase at2g24230-like	1,83009
ppa009296m	NA	0,904983
NA	NA	-3,51868
ppa018497m	NA	-1,60168
ppa000808m	Irr receptor-like serine threonine-protein kinase rfk1	1,33572
ppa011923m	cyclic phosphodiesterase	0,970661
ppa001057m	-trehalose-phosphate synthase	-1,61971
ppa001689m	subtilase family protein	-1,7376
ppa010914m	cold regulated 314 thylakoid membrane 2	1,32466
NA	NA	0,800711
ppa006079m	outward rectifying potassium channel	1,1336
ppa006967m	protein	1,44995
ppa000758m	soluble starch synthase iv-2	-0,772805
ppa013410m	protein tify 5a-like	2,77083
ppa008782m	protease do-like 5	-1,09791
ppa008991m	mterf-like protein	-0,842254
ppa015981m	NA	2,53734
ppa003669m	remorin family protein	1,45879
ppa020655m	phospholipase a1- chloroplastic-like	1,74913
ppa013313m	photosystem i reaction center subunit x psak	-1,68536
ppa003107m	cationic amino acid transporter	1,78983
ppa003723m	acyl-activating enzyme 14	-1,12372
ppa004941m	NA	1,38721
ppa009259m	ribose-5-phosphate isomerase a	-1,53042
ppa004984m	NA	1,44476
ppa001098m	protein	0,703617
ppa000890m	NA	1,62678
ppa009324m	peroxisomal -dienoyl- reductase	1,1084
ppa015262m	NA	1,0532
ppa010778m	proteasome subunit alpha type-5-a	0,687563
ppa008612m.ppa015022m	intracellular chloride channel-like protein	0,674522
ppa008499m	protein	0,894776
ppa004280m	protein	0,727689
ppa000866m.ppa026254m	protein argonaute 2-like	0,92542
ppa009826m	NA	-0,8132
ppa023652m	root hair defective 3 gtp-binding protein	-1,65063
ppa021949m	NA	2,70518
ppa004855m	ribulose- bisphosphate carboxylase oxygenase large subunit n-chloroplastic-like	-0,686073
ppa006731m	dna-3-methyladenine glycosylase i	-1,62271
ppa004238m	at4g20170 f1c12_90	1,55628
ppa011141m	NA	0,781079
ppa002621m	ctp synthase	0,756852
ppa008291m	s-adenosyl-l-methionine-dependent methyltransferase domain-containing protein	-1,2392
ppa023341m	alpha-farnesene synthase	3,60726
ppa024769m	alpha-farnesene synthase	-2,64727
ppa014521m	NA	2,35755
ppa000365m	octicosapeptide phox domain-containing protein kinase	0,766442
ppa009720m	NA	1,85103
ppa005669m	phosphoglycerate kinase	0,936612
ppa018537m.ppa018599	NA	-0,934248

m		
ppa006836m	sedoheptulose- -bisphosphatase	-1,28547
ppa001367m	elongation factor ef-2	0,901259
ppa004201m	pentatricopeptide repeat-containing protein	-0,681543
ppa008801m	nac domain protein	1,05172
NA	NA	0,863444
ppa024706m	NA	-1,39788
ppa018929m.ppa022660		
m	NA	2,65079
ppa003057m	NA	1,13056
ppa023395m	NA	-2,24308
ppa011334m	NA	Inf
ppa011371m.ppb013116		
m	NA	1,74955
ppa013098m	uncharacterized endoplasmic reticulum membrane	2,10949
ppa021560m	NA	3,49885
ppa002804m	NA	4,68508
ppa012150m	NA	-0,987828
ppa011192m	NA	-1,03102
ppa002453m	udp-glucose -dehydrtase	0,754753
ppa009344m	probable salt tolerance-like protein at1g78600-like	0,756107
ppa015004m	tyrosine-sulfated glycopeptide receptor 1-like	1,37713
ppa018251m	leucine-rich repeat receptor-like kinase	2,12266
ppa019195m	tyrosine-sulfated glycopeptide partial	1,57736
ppa016609m	leucine-rich repeat receptor-like kinase	3,4186
ppa001891m	NA	2,63775
ppa001903m	protein	-1,42883
ppa016365m	NA	-0,950928
ppa006266m	26s proteasome non-atpase regulatory subunit 5	0,708893
ppa009672m	protein phosphatase	0,654667
ppa008113m	early nodulin-like protein 2-like	0,831634
ppa006230m	NA	0,785613
ppa004778m	protein	-0,764169
ppa001072m	PREDICTED: uncharacterized protein LOC100250261	2,05419
ppa004744m	regulator of chromosome condensation family protein	0,697361
ppa010307m	stem-specific protein tsjt1-like	0,790083
ppa008301m	NA	3,93448
ppa014087m	protein	2,96198
ppa007900m	NA	-2,0677
ppa020758m	myosin-j heavy chain-like	-1,36007
ppa002470m	probable serine threonine-protein kinase abkc-like	-0,744336
ppa026828m	NA	-0,843566
ppa014995m.ppb014018		
m	probable pectinesterase 53-like	-0,879427
ppa013115m	rna recognition motif-containing protein	0,836182
ppb014269m	NA	2,12109
ppa015031m	protein	-0,933907
ppa026334m	NA	-1,07616
ppa000393m	NA	-0,890497
ppa023646m	early nodulin-like protein	-1,67579
ppa000971m	microtubule-associated protein tortifolia1	-0,855024
ppa012958m	pollen_ole_e_i-domain containing protein	0,873926
ppa009670m	protein	-1,95665
ppa003830m	calcium-dependent protein kinase	1,195

ppa025783m	NA	1,51824
ppa006589m	probable beta- -galactosyltransferase 2-like	0,809733
ppa009815m.ppa019309m	NA	-0,883658
ppa017940m	NA	2,08054
ppa010565m	proline synthetase associated	-0,886943
ppa008293m	NA	1,28833
ppa010893m	ap2 domain class transcription factor	-0,952697
ppa017079m	NA	0,734524
ppa013553m	NA	-2,52987
NA	NA	1,91866
NA	NA	1,21003
ppa001847m	glycerophosphodiesterase-like protein	-0,668735
ppa009177m	lysine decarboxylase	-0,670947
ppa020312m	glucosidase 2 subunit beta-like	1,24451
ppa021003m	tpr repeat-containing thioredoxin ttl1-like	-1,44176
ppa012162m	protein	0,653077
ppa001469m	subtilisin-like serine protease	-0,814729
ppa007030m	NA	-0,77206
ppa019758m	NA	-0,800032
ppa009653m.ppa009661m.g.ppa014399m	class iv chitinase	2,07052
ppa018673m	NA	1,3852
ppa004899m	pentatricopeptide repeat-containing protein	-0,914612
ppa018740m	serine threonine protein kinase	1,32758
ppa011191m	NA	1,69206
ppa011714m	nuclear transcription factor y subunit b-3	-0,668115
ppb008932m	NA	-2,14538
ppa005450m	beta-amylase	-0,80392
ppa020243m	2og-fe oxygenase family protein	-2,28901
ppa006634m	nuclear transcription factor y subunit a-1	1,51032
ppa026884m	NA	-0,884408
ppb017730m	NA	-1,18719
ppa020764m	NA	-4,83041
ppa007187m	protein	-1,34002
ppa003542m	calcium dependent protein kinase	0,723814
ppa010926m	dna binding	0,977503
ppa004282m	phospholipase c	-1,0169
ppa000071m	callose synthase 5-like	-0,811336
NA	NA	-1,32422
ppa005822m.ppb023649m	NA	0,838157
ppa009438m	NA	3,37282
ppa003203m	mac perforin domain-containing protein	0,820098
ppa009938m	structural molecule	-1,02288
ppa006635m	NA	3,55181
ppa002422m	probable galactinol--sucrose galactosyltransferase 2-like	-1,89377
ppa011059m	NA	1,46749
ppa009998m	NA	-1,10114
ppa020045m	pentatricopeptide repeat-containing protein	-0,847221
ppa018986m	pentatricopeptide repeat-containing	1,08263
ppa012846m	cysteine proteinase inhibitor 1-like	0,624935
ppa004013m	tonoplast dicarboxylate transporter-like	1,62569
ppa012576m	NA	1,39678

ppa006251m	fumarylacetoacetate	0,824124
ppa023929m	NA	-1,12817
ppa003872m	I-ascorbate oxidase homolog	-1,91513
ppa006608m	glucose-6-phosphate phosphate translocator chloroplastic-like	5,99634
ppa023926m	NA	-2,07416
NA	NA	2,00999
ppa011428m	NA	1,28531
ppa025399m	NA	-0,873414
ppa007438m	myb-related protein m4	3,12093
ppa006407m	probable adp-ribosylation factor gtpase-activating protein agd5-like	2,2157
ppa001393m	katanin p80 wd40 repeat-containing subunit b1 homolog 1-like	-0,649052
ppa010879m.ppb020871m	NA	0,859474
ppa011429m	protein	-0,866313
ppa008909m	NA	0,626555
ppa001031m	probable ubiquitin-conjugating enzyme e2 24-like	2,25272
ppa012965m	NA	0,660341
ppa021281m	pistil-specific extensin-like protein	-1,22696
ppa010090m	NA	1,27005
ppa006549m	phosphate triose-phosphate translocator precursor	-1,0653
ppa014139m	grx_c8 - glutaredoxin subgroup iii	1,40593
ppa002065m	NA	-0,715934
ppa013173m	histone h3	-1,70578
ppa024453m	anthocyanidin 3-o-glucosyltransferase	-2,60002
ppa006200m	magnesium-chelatase subunit chloroplastic-like	-1,36306
ppa018998m	NA	1,90383
ppa010079m	NA	-1,10687
ppa008267m	protein	3,30623
ppa000443m	protein scar3	-0,715175
ppa012259m	at1g29190 f28n24_12	-1,04672
ppa027008m	dog1 alpha splice variant	-2,22862
ppa004907m	protein kinase	0,791824
ppa005456m	protein transport protein sec61 subunit alpha	1,88241
ppa023347m	NA	3,51917
ppa007546m	gdsl-motif lipase hydrolase family protein	-1,72329
ppa010850m	NA	0,661161
ppa012671m	NA	-1,55256
ppa006814m	glutamate-gated kainate-type ion channel receptor subunit 5	-1,76662
ppa007462m	peroxisomal -2-hydroxy-acid oxidase 2	1,57756
ppa001179m	auxin response factor 6-like	-0,702354
ppa005458m	protein kinase g11a	-1,13067
ppa000127m	air9 protein	-0,840252
NA	NA	-2,34564
ppa013448m	NA	-1,6952
ppa004021m	reticuline oxidase-like	2,33345
ppa004336m	sec14 cytosolic factor-like	-1,90821
ppa000859m	NA	-1,62265
ppa011694m	gtp binding protein	0,643198
ppa026535m	NA	1,56755
ppa002262m	cyclase dehydrase family protein	-0,816974
ppa021250m	NA	2,87626
ppa002849m	vacuolar-sorting receptor 7	2,18472
ppa009640m	unnamed protein product	-0,683113

ppa000837m	receptor protein kinase clavata1	-1,64786
ppa010056m.ppa016167m	NA	2,86437
ppa005274m	agc kinase	-1,08961
ppa006139m	methyladenine glycosylase family protein	-2,31417
ppa007417m	myb family transcription factor apl-like	-0,685759
ppa016834m	NA	2,41123
ppa006087m	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	2,16625
ppa006642m	at1g56180 f14g9_20	-0,834425
ppa002879m	probable potassium transporter 13-like	1,60678
ppa007884m	s-rnase binding protein	-0,866745
ppa006276m	gtp-dependent nucleic acid-binding protein engd-like	-1,02885
ppa016640m	NA	-0,732465
ppa017489m	fad nad -binding oxidoreductase domain-containing protein	-0,753564
ppa012318m	NA	2,13952
ppa009298m	ctc-interacting domain 8 protein	0,660394
ppa008414m	NA	1,92325
ppa003337m	uncharacterized amino acid permease -like	0,941481
ppa022459m	NA	-2,58341
ppa019318m	NA	1,46546
ppa023148m	tyrosine-sulfated glycopeptide receptor 1-like	1,36744
NA	NA	1,18674
ppa018251m	leucine-rich repeat receptor-like kinase	2,16202
ppa008257m	NA	-0,960159
ppa005219m	homogentisate -dioxygenase	1,54346
ppa011323m	PREDICTED: uncharacterized protein LOC100267434	-1,05765
ppa022739m	squamosa promoter-binding	-2,13191
ppa026220m	mate efflux domain-containing protein	2,4333
ppa016812m	rna-binding s4 domain-containing protein	-1,15759
ppa001120m	protein spa1-related 3-like	-0,796904
ppa018800m	NA	2,73698
NA	NA	-0,844499
ppa022868m	protein	2,05624
ppa000375m	cop1-interacting protein 7	-1,11203
ppa017816m	NA	-1,20449
ppa005409m	peptidyl-prolycis-trans isomerase protein	-2,12862
ppa023907m.ppa025673m	NA	-2,26697
ppa009987m	light-harvesting complex ii protein lhcb3	-1,86668
ppa010173m	vesicle-associated protein 4-2-like	1,5412
ppa013314m	NA	-1,1712
ppa023041m	NA	-0,973738
ppa003323m	NA	0,711171
ppa006039m	c2h2 zinc finger protein	-2,14656
ppa011900m	oxygen-evolving enhancer protein 3-1	-1,28226
ppa025847m	protein	-0,951593
ppa007117m	polyubiquitin 10	1,31716
ppa012326m	NA	-2,44363
ppa009883m	septum-promoting gtp-binding protein 1-like	1,17574
	kua-ubiquitin conjugating enzyme hybrid localisation domain-containing protein	-1,35689
ppa009008m	NA	2,60809
ppa021614m	NA	1,74943
NA	NA	0,744741
ppa013625m	NA	

ppa015010m	NA	3,66276
ppa024300m	NA	-1,78551
ppa018264m	NA	-1,86111
ppa006647m	aspartate carbamoyltransferase	-1,57729
ppa004041m	trigger factor-like	-0,879098
ppa027151m	nucleotide-binding oligomerization domain-containing protein	-0,996394
ppa004834m	NA	-0,884594
ppa007013m	protein trichome birefringence-like 39	1,29767
ppa009990m	NA	1,00109
ppa006855m	NA	-2,6512
ppa001442m	tbc domain-containing protein	1,05366
ppa011626m	NA	1,3079
ppa000656m	zn cd p -type atpase	-3,09549
ppa020709m	serine acetyltransferase	-3,22771
ppa023993m	NA	1,43677
ppa006726m	fasciclin-like arabinogalactan protein	-1,12629
ppa013712m	photosystem ii 5 kda chloroplast	-1,17228
ppa023872m	NA	2,5052
ppa013073m.ppa024717		
m	nad kinase 1	1,0584
ppa007999m	NA	2,7853
ppa016592m	saccharopine dehydrogenase	-1,36837
ppa012200m	ubiquitin-conjugating enzyme e2 19	-2,57876
ppa006290m	mevalonate diphosphate decarboxylase	0,918817
ppb000367m	NA	1,6987
ppa016435m.ppb019316		
m	NA	-1,22227
ppa016919m	leucine-rich repeat receptor-like kinase	1,79116
ppa022026m	NA	-1,68302
ppa006669m	f-box protein at2g32560-like	-0,965046
ppa009706m	crt homolog 1-like	0,864286
ppa026001m	NA	1,83206
ppa026145m	NA	-2,7747
ppa021704m	tyrosine-specific transport	-0,831048
ppa010820m	early nodulin-like protein	-0,88399
ppa006471m	NA	2,44687
ppa005120m	2-oxoisovalerate dehydrogenase e1 alpha subunit	0,954211
ppa017511m.ppa025554		
m	NA	1,81076
ppa001345m	beta-galactosidase 10	-0,807387
ppa005609m	aldehyde dehydrogenase family 3 member h1	-1,2139
ppa022127m.ppa025338		
m	NA	-1,69131
ppa1027150m	NA	-1,2754
ppa017035m	x-linked retinitis pigmentosa gtpase regulator	-1,48765
ppa015971m	receptor protein kinase-like protein	2,61323
ppa003444m	probable Irr receptor-like serine threonine-protein kinase at5g63710-like	-0,806702
ppa017509m	probable Irr receptor-like serine threonine-protein kinase at4g08850-like	1,91365
NA	NA	0,93359
NA	NA	1,49794
NA	NA	-1,7229
NA	NA	-3,33614
NA	NA	-2,61127

ppa006550m	checkpoint serine threonine-protein kinase	-1,46715
ppa008311m	protein	0,693923
ppa008758m	cinnamoyl- reductase	1,28372
ppa008751m	cinnamoyl- reductase	-2,01249
ppa005142m	NA	-3,41599
ppa016837m	serine threonine-protein kinase	3,79275
ppa021078m	at2g04039 at2g04039	-1,22268
ppa005059m	abscisic acid 8 -hydroxylase	3,47298
ppa006668m	protein notum homolog	-1,99064
ppa003419m	NA	-1,4456
ppa023735m	hydroxycinnamoyl-coenzyme a shikimate quinate	2,69521
ppa003418m	hydroxycinnamoyltransferase	-2,29634
ppa004871m	NA	3,02852
ppa005455m	d-inositol-3-phosphate glycosyltransferase-like	3,31005
ppa019898m	NA	-1,34083
ppa004048m	protein	-0,974848
ppa012437m	trna (5-methylaminomethyl-2-thiouridylate)-methyltransferase	-3,1167
ppa001305m	NA	0,771548
ppa009107m	-trehalose-phosphate synthase	1,34587
ppa009969m	NA	-1,80439
ppa012293m	tetraspanin family protein	-1,00221
ppa002049m	protein	-0,697144
ppa012546m	pentatricopeptide repeat-containing protein	-1,15482
ppa003158m	glycine decarboxylase multi-enzyme h subunit	-1,67937
ppa014425m	nitrate transporter -like	0,992148
ppa006429m	protein transport protein sec61 gamma subunit	1,86788
ppa010350m	phosphoribosyl pyrophosphate synthetase	1,24942
ppa003812m	protein	0,672746
ppa006108m	beta-amylase	0,672746
ppa014697m	NA	1,30013
ppa010376m	NA	2,1122
ppb010066m	expansin-like b1-like	5,72166
ppa005571m	NA	-1,99234
NA	zeaxanthin epoxidase	-1,082
ppa014106m	NA	-1,74863
ppa018739m	NA	1,09761
ppa002510m	NA	-0,824386
ppa010340m	peroxisomal acyl- oxidase 1a	0,672024
ppa008574m	ap2 erf domain-containing transcription factor	1,59269
ppa013404m	formyltetrahydrofolate deformylase	-0,755476
ppa005317m	NA	-2,02657
ppa011466m	(rap annotation release2) glycosyl transferase	1,43832
ppa013435m	NA	1,89297
ppa007976m	NA	0,664919
ppa012402m	I-lactate dehydrogenase	1,20724
ppa003177m	14 kda proline-rich protein	-1,54841
ppa009247m	NA	-1,38546
ppa002334m	NA	1,19337
ppa003224m	NA	1,81774
ppa025324m	monocopper oxidase-like protein sku5	-2,63095
ppa012858m	saur family protein	-1,40857
NA	NA	1,26734
ppa009775m	NA	3,92677
	NA	2,49495

ppa013177m	cornichon family protein	0,848433
ppa011053m	NA	-3,52339
ppa019480m.ppa024543		
m	NA	1,94722
ppa016268m	NA	2,34006
ppa025907m	stress responsive alpha-beta barrel domain protein	-1,17479
ppa009165m	NA	0,902384
ppa000546m	NA	-1,7545
ppa010771m	glutathione peroxidase	2,09837
ppa007046m	tyrosyl-trna synthetase	0,678014
ppa009588m	aquaporin pip1-1	-1,51864
ppa010454m	plac8-like protein	0,76768
ppa004996m	NA	1,71723
ppa026540m	NA	2,58108
ppa000913m	respiratory burst oxidase	1,6242
ppa010355m	NA	1,97892
ppa021244m	plant cell wall protein 88	2,62226
ppa010244m	24 kda seed maturation protein	1,03269
ppa002579m	probable inactive receptor kinase at4g23740-like	-1,28319
ppa005583m	proline transporter	0,816477
ppa020191m	NA	2,75916
ppa010250m	NA	1,52385
ppa009291m	predicted protein	0,844323
ppa002939m	endo-beta- -glucanase	-1,63523
ppa014016m	NA	-2,09816
ppa003416m	pentatricopeptide repeat-containing protein	-1,27949
ppa008032m	udp-glucose 4-epimerase	1,57233
ppa012842m	predicted protein	-1,12568
ppa025432m	rna polymerase ii transcriptional coactivator kelp	0,775253
ppa007121m	peptide transporter protein	-0,793794
ppa001978m	NA	0,890189
ppa009754m	protein abil2	0,959288
ppa024146m.ppb012332		
m	rwp-rk domain-containing protein	-1,07536
ppa015025m	NA	0,967187
ppa001827m	oligopeptide transporter opt family	1,37452
ppa005470m	protein	2,63265
ppa022201m.ppa027182		
m	NA	-1,80676
ppa015634m	NA	-1,20719
ppa005343m	NA	Inf
ppa010428m	protein	-1,20629
ppa007260m	alcohol dehydrogenase-like 3-like	1,66676
ppa022410m	NA	1,93386
ppa018629m	subtilase family protein	1,31332
ppa001674m	protein	-2,64071
ppa010992m	protein	-0,745489
ppa021800m	NA	-1,12996
ppa007211m	NA	1,03611
ppa005138m	protein kinase domain-containing protein	1,12436
ppa000853m.ppa026771		
m	chaperone protein chloroplastic-like	2,49857
ppa003160m	amidase family protein	2,22457
NA	NA	-1,10629
ppa025782m	adp-ribosylation factor gtpase-activating protein agd3-like	-1,09834

ppa018533m	dna binding	-0,729292
ppa012414m	NA	2,28621
ppa003833m	cbs domain-containing protein cbscbspb5-like	-1,41925
ppa003294m	nodulin-like protein	2,07355
ppa010770m	nuclear transcription factor y subunit c-1	-0,853146
ppa008755m	protein cbby	-0,829531
ppa004152m	NA	-1,05637
ppa018702m	NA	2,35179
ppa008468m	rossmann-fold nad -binding domain-containing protein	-0,872201
ppa018789m	protein	-2,73711
ppa006978m.ppa011946		
m	sec14 cytosolic factor-like	-0,965972
ppa007436m	conserved hypothetical protein	-0,918068
ppa019367m	anthranilate phosphoribosyltransferase	-0,909193
ppa006411m	phosphate phosphoenolpyruvate translocator precursor	0,784989
ppa009368m	at1g70420 f17o7_4	-0,988676
ppa012215m	NA	-0,685727
ppa004563m	betaine-aldehyde dehydrogenase	0,661226
ppa005959m.ppa019013		
m.ppa026180m	NA	0,971993
ppa023704m	integral membrane hpp family protein	-3,51542
ppa003360m	nitrate transporter -like	-3,94857
ppa013704m	NA	-Inf
ppa005339m	NA	-0,802554
ppa024931m	NA	2,65499
ppa011784m	uncharacterized endoplasmic reticulum membrane	1,16547
ppa002229m	dnaj heat shock n-terminal domain-containing protein	0,897182
ppa003032m	NA	-2,34251
ppa010695m	glucan endo- -beta-glucosidase-like protein 3	-1,53332
ppa012289m	at5g08050 f13g24_250	-0,882289
ppa004083m	cytochrome p450 78a3-like	-1,10345
ppa018626m	udp-glycosyltransferase 1	1,27238
ppa006717m	extracellular calcium sensing receptor	-0,951868
ppa018620m	NA	-1,94475
ppa011515m	NA	-1,71169
ppa017855m	domain gpi-anchored protein 1	-2,08675
ppa017267m	zinc finger protein constans-like 16-like	-1,35017
ppa008877m	NA	2,91519
ppa025469m	calmodulin binding protein	2,65278
ppa002917m	NA	1,03492
ppa000376m	probable atp-dependent rna helicase ddx36-like	-0,716866
ppa004805m	mate efflux family protein dtx1-like	1,19023
ppa020149m	alpha dioxygenase	2,90604
ppa019522m	NA	1,60845
ppa000689m.ppa021349		
m	fk506 binding protein	-1,75547
ppa015800m	NA	-2,08014
ppa014437m	NA	2,07426
ppa002150m	potassium channel skor	-1,14361
ppa001135m	sucrose synthase 2-like	-2,57274
ppa018536m	NA	1,58945
ppa006106m	endosomal targeting bro1-like domain-containing protein	1,69199
ppa018968m	at1g76620 f14g6_22	0,839232
ppa010445m	platz transcription factor domain-containing protein	1,18377

ppa025548m	predicted protein	-1,67267
ppa000354m	protein	-1,13561
ppa010606m	domain-containing protein	-0,900029
ppa010825m	fk506 binding	-1,11996
ppa011225m	NA	1,01601
ppa003236m	NA	-0,740081
ppa023896m	thioredoxin domain-containing	-1,40504
ppa013249m.ppa017459		
m	NA	0,950315
ppa007274m	NA	0,754732
ppa003643m	rop guanine nucleotide exchange factor 1-like	-2,54373
ppa003168m	Irr receptor-like serine threonine-protein kinase fei 2	-0,774913
ppa009929m	transmembrane protein 45b-like	1,08592
ppa011099m	af385707_1 at5g48790 k24g6_12	-1,46309
ppa017336m	protein	-2,1471
ppa019905m	tpr domain protein	1,37164
ppa009362m	chloroplast rna binding protein precursor	-0,924116
ppa011266m	NA	1,35501
ppa013007m	Isd one like 1 protein	-1,38966
ppa004974m	pyruvate kinase isozyme chloroplastic-like	-1,08682
ppa023561m	NA	1,40204
ppa002576m	NA	-0,997951
ppa020388m	type i inositol- -trisphosphate 5-phosphatase 2-like	-2,09386
ppa008663m	homolog subfamily c member	-0,768635
NA	NA	1,80368
ppa010469m	abscisic acid -deficient 4 protein	-0,78249
ppa009692m	plastid ribosomal protein	-0,769628
ppa010228m	NA	-0,777708
ppa026090m	phospholipase a1- chloroplastic-like	2,61795
ppa009707m	ap2 erf domain-containing transcription factor	2,69829
ppa008774m	homeobox-leucine zipper protein	-1,71758
ppa001690m	elongation factor chloroplastic-like	-1,10974
ppa011699m	21 kda protein	2,15674
ppa012589m	protein	-0,765523
ppa006632m	protein	1,71914
ppa007367m	NA	0,922375
ppa004606m	cytochrome p450	2,09671
ppa008639m	cu zn-superoxide dismutase copper chaperone precursor	0,922419
ppa007738m	NA	1,63753
ppa009788m	senescence-inducible chloroplast stay-green protein	3,56893
ppa005266m	NA	1,81418
ppa003422m	protein hothead-like	-2,24156
ppa007923m	adenosine 3 -phospho 5 -phosphosulfate	1,17334
ppa021099m	protein binding	-0,697783
ppa010653m	NA	2,99572
ppa024772m	serine racemase	-0,909936
ppa004215m	amp dependent	2,27334
ppa005765m	beta chain	-1,39264
ppa007177m	haloacid dehalogenase-like hydrolase domain-containing protein	0,854186
ppa000796m	kinesin heavy	-1,59522
ppa004078m	cytochrome p450	-0,830693
ppa005552m	NA	1,23294
ppa011666m	NA	1,20773
ppa012261m	NA	1,84194

ppa008845m	monoglyceride lipase	2,3
ppa004162m	NA	0,714384
ppa022037m	transmembrane protein	-1,30709
ppa012062m	NA	4,29986
ppa005270m	6-phosphogluconate dehydrogenase	-0,674292
ppa008573m	NA	1,5216
ppa009005m	ethylene-responsive transcription factor erf061-like	1,72223
ppa019102m.ppa024005		
m	NA	2,33074
ppa018517m	NA	1,6118
ppa003867m	phosphatidylinositol 4-kinase type 2-beta	-1,2211
ppa020531m	NA	1,31331
ppa007415m	gda2 protein	1,84648
ppa003147m	tetratricopeptide repeat domain-containing protein	0,633006
NA	NA	-2,53021
ppa006037m	NA	-0,719553
ppa002995m.ppa006239		
m	NA	1,83267
ppa006451m	protein	-1,01944
ppa001291m	nac domain ipr003441	0,933721
ppa001704m	protein gt-2-like 1	-0,877905
ppa004520m	beta- -n-acetylglucosaminyltransferase radical	1,27309
ppa007517m	19 protein	1,13094
ppa008655m	magnesium-protoporphyrin ix methyltransferase	-0,924348
ppa013054m.ppa024797		
m	NA	-2,22444
ppa012166m	NA	-1,47859
ppa027024m	NA	-1,56897
ppa005782m	probable s-acyltransferase at3g26935-like	1,56332
ppa013097m	hva22e	2,60499
ppa021164m	NA	-1,21991
ppa005332m	atp binding protein	-2,81914
ppa013356m	NA	2,83447
ppa011809m	peptide methionine sulfoxide reductase	1,10355
ppa006392m	NA	-1,32952
ppa002786m.ppa014370		
m	brassinosteroid insensitive 1-associated receptor kinase 1	1,90978
ppb013628m	cyclic nucleotide-gated ion channel 1-like	1,07424
ppa023699m	NA	-1,45786
ppa005852m	e3 ubiquitin-protein ligase rglg2	0,629853
ppa012947m	NA	3,21604
ppa004332m	NA	1,12543
ppa004261m	NA	2,10652
ppa011220m	octicosapeptide phox bem1p domain-containing protein	1,25097
ppa014618m	protein	-1,35776
ppa000610m	protein	-1,57938
ppa010625m	gdsl esterase lipase at5g62930-like	1,94481
ppa010908m	glabrous1	-1,55339
ppa007384m	NA	-1,29137
ppa016463m	NA	0,89409
ppa004675m	calmodulin binding protein	0,940551
ppa024422m	NA	1,97183
ppa003974m	NA	1,07195
ppa003155m	NA	2,03543
ppa000632m.ppa018776	c2 domain-containing protein	-1,80046

m

ppa003652m	isochorismate synthase	-1,45308
ppa003713m	delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase 1 protein	0,620233
ppa008736m	NA	-0,928239
ppa010080m	template-activating factor i	0,659355
ppa005324m	geranylgeranyl reductase	-1,07581
ppa010443m	expansin a1	4,19897
ppa011948m	ndh dependent flow 6 protein	-1,25499
ppa004836m	zinc finger (c3hc4-type ring finger) family protein	-0,917771
ppa012348m	NA	-2,98606
ppa011254m	snap25 homologous protein snap33	1,58833
ppa009234m	Irr repeats and ubiquitin-like domain-containing protein at2g30105-like	0,858183
ppa005034m	udp-glucose 6- expressed	1,10602
ppa004433m	NA	1,85811
ppa001102m	heat shock protein 101	0,804307
ppa006823m	glycerophosphoryl diester phosphodiesterase	1,29847
ppa023628m	ninja-family protein afp3	1,43475
ppa019882m	mitochondrial import receptor subunit tom5 homolog	1,14309
ppa000592m	protein	-1,22937
ppa008947m	protein	-1,00954
ppa015639m	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	-1,48672
ppa002205m	alpha beta-hydrolase domain-containing protein	1,34501
ppa003084m	NA	-2,04957
ppa006449m	serine-threonine protein plant-	2,12301
ppa001217m	ser thr protein kinase	0,709874
ppa025689m	NA	-1,76582
ppa010672m	protein	0,879834
ppa002513m.ppa022005	NA	-1,15437
m.ppb017079m	beta-glucosidase 44-like	-1,71427
ppa004380m	uncharacterized gpi-anchored protein at4g28100-like	-1,96827
ppa009266m	ras-related protein raba6a-like	1,15186
ppa011094m	calcium-binding protein cml27	1,00206
ppa012426m	thaumatin-like protein	-2,53183
ppa010418m	phosphoethanolamine n-methyltransferase	2,52776
ppa004742m	NA	-1,17398
ppa002944m	protein	1,03731
ppa008397m	atp binding	-1,9648
ppa002536m	dihydropyrimidine dehydrogenase	0,795189
ppa006144m	mitogen-activated protein kinase kinase	2,75913
ppa011098m	oligopeptide transporter opt family	-0,766478
ppa002002m	NA	-1,23101
NA	NA	-1,995
NA	NA	-1,89844
NA	NA	-2,04333
NA	NA	-1,77802
NA	NA	-1,45375
NA	NA	-1,90749
NA	NA	-0,972856
NA	NA	-3,67093
NA	NA	-3,94767
NA	NA	-4,19946
NA	NA	-2,20465

NA	NA	-1,91114
NA	NA	2,1885
ppa007057m	NA	-1,79214
ppa005835m	vacuolar cation proton exchanger	-1,56868
ppa013971m	thylakoid soluble phosphoprotein	-1,27205
ppa003364m	peptide transporter ptr1-like	1,5267
ppa001354m	alpha-glucan h isozyme-like	0,972177
ppa003623m	at5g58960 k19m22_160	1,39878
ppa005901m	neutral amino acid transport protein	-1,45537
ppa003133m	lysyl-tRNA synthetase	-0,7022
ppa006874m	trichome birefringence-like 45 protein	-1,9031
ppa007302m	protein phosphatase 2c	2,34376
ppa001820m	fructose-6-phosphate 2-kinase fructose- -bisphosphatase	-1,42591
ppa006777m	protein	1,84042
ppb004066m	glucan endo- -beta-glucosidase 9-like	-1,21805
ppa019639m	udp-glycosyltransferase 87a1-like	1,16141
ppa005370m	NA	0,824796
ppa011242m	NA	4,45041
ppa011332m	nad h-quinone oxidoreductase subunit n	-1,45776
ppa019245m	bis(5'-adenosyl)-triphosphatase-like	0,851972
ppa001081m	NA	-1,53635
ppa001924m	transcription factor 4	0,965142
ppa000086m	proteasome activator complex subunit 4-like isoform 2	0,69627
NA	NA	-1,68225
ppa017673m	kinesin heavy	-1,29729
ppa001952m	cellulose synthase-like protein e6-like	2,24264
ppa001713m	protein	2,02465
ppa004927m	protein	1,05806
ppa011777m	at5g12900-like partial	-1,42754
ppa003402m.ppa009039		
m	protein	1,57025
ppa012214m	protein	0,670984
ppa012400m	protein	0,837647
ppa013022m	NA	1,32146
ppa024133m	protein	2,5646
ppa012831m	PREDICTED: uncharacterized protein LOC100248460	-1,68958
ppa010754m	zinc transporter	1,36876
ppa005020m	cytochrome p450	-1,91619
ppa009908m	ripening-related hydrolase-like protein	0,917283
ppa019205m	NA	3,4216
ppa010180m	NA	-2,67948
ppa023463m	fasciclin-like arabinogalactan protein 4	-1,06301
ppa008195m	NA	1,08327
ppa023882m	NA	2,07726
ppa021836m	3-ketoacyl- synthase	-2,60769
ppa000651m	125 kDa kinesin-related	-0,923603
ppa003714m.ppa017421		
m	NA	-0,945136
ppa023074m	NA	2,08728
ppa007370m	NA	0,880883
ppa026947m	proton-dependent oligopeptide transport family protein	-0,810776
ppa005247m	alpha beta fold family protein	0,83418
ppa003207m	mlo-like protein 6-like	1,11481
ppa019189m	NA	2,34773

ppa022897m	NA	1,2698
NA	NA	-1,60505
ppa005337m	alpha-l-fucosidase 1	-1,11016
ppa007860m	NA	-0,754584
ppa011745m	NA	-1,54434
ppa001257m	NA	0,879483
ppa025450m	NA	-1,30959
ppa004214m	phosphoglycerate bisphosphoglycerate mutase family protein	-0,962278
ppa005971m	protein kinase g11a-like	-0,730976
ppa026117m	amino acid dehydrogenase-like protein	-0,936957
ppa006961m	sialyltransferase-like protein	-2,67741
ppa012826m	NA	0,800481
ppa010337m	nac domain-containing protein 90-like	3,02228
ppa013064m	photosystem i subunit o	-1,46389
NA	NA	2,474
ppa009650m	probable ccr4-associated factor 1 homolog 11-like	2,68686
ppa012991m	pathogenesis-related protein 4	2,5648
ppa025186m.ppb017342		
m	NA	1,90229
ppa020466m	apoptosis-inducing factor homolog a-like	1,15852
ppa006760m	NA	2,25669
ppa006884m	strictosidine synthase family protein	1,21814
ppa013250m	tir-nbs-lrr resistance protein	-0,914879
ppa019862m	small heat-shock	-1,6245
ppa012218m	lipid binding protein	-0,703059
ppa012640m	nad h-quinone oxidoreductase subunit	-0,704642
ppa008614m	PREDICTED: uncharacterized protein LOC100264638	-0,855862
ppa001814m	abc transporter	-0,984765
ppa008234m	NA	1,08599
ppa007221m	haloacid dehalogenase-like hydrolase domain-containing protein	1,58769
ppa011989m	NA	0,833219
ppa014306m	NA	1,68959
ppa011999m	50s ribosomal protein l29	-0,874073
ppa013181m	NA	1,99884
ppa017055m	NA	1,10335
ppa001992m	Imbr1 domain-containing protein 2 homolog a-like	0,836493
ppa005891m	NA	1,31532
ppa007587m	NA	1,44021
ppa004086m	6-phosphofructokinase chloroplastic-like	1,55961
ppa021753m	invertase inhibitor homolog	-3,34229
ppa011063m	NA	-1,05457
ppa025098m	NA	-2,65988
ppa016486m.ppa016760		
m	NA	-1,33465
ppa020304m	chromosome-associated kinesin	-0,944506
ppa000739m	receptor-like protein kinase	-1,40693
ppa005613m	NA	-0,750946
ppa022767m	phytosulfokines 3-like	2,87478
ppa012904m	NA	0,848963
ppa007060m	btb and taz domain protein 4	1,51395
ppa020432m	NA	-1,92818
ppa010480m	lob domain-containing protein	-1,96181
ppa019557m	NA	1,8732
ppa007836m	acyl- -binding domain 3	0,827092

ppa007190m	probable protein phosphatase 2c 63-like	1,76193
ppa011163m	NA	-1,4558
ppa020782m	NA	0,905592
ppa001717m	probable Irr receptor-like serine threonine-protein kinase at4g37250-like	-1,16387
ppa003978m	f-box family protein	0,756136
ppa003108m	NA	-0,870406
ppa023923m	white-brown-complex abc transporter family	-1,00018
ppa009630m	NA	2,66727
ppa020301m	ring u-box domain-containing protein	0,997224
ppa015363m	NA	-2,00417
ppa009620m	NA	-1,1379
ppa002125m	lectin protein kinase family protein	-2,14724
ppa026062m	predicted protein	-1,39027
ppa025065m	ccr4-not transcription complex subunit	-0,741401
ppa021293m	unnamed protein product	-0,63599
ppa001520m	protein	-1,30892
ppa006902m	receptor serine-threonine protein	2,21026
ppa026644m	NA	1,27107
ppa027031m	type i inositol- -trisphosphate 5-phosphatase cvp2-like	1,49192
ppa010998m	soluble inorganic pyrophosphatase	0,657875
ppa001736m	pentatricopeptide repeat-containing protein	-0,807424
ppa005792m	NA	0,73781
ppa007214m	NA	-0,783499
ppa015273m	protein kinase	2,03883
ppa015709m	I-type lectin-domain containing receptor kinase -like	1,17577
ppa019569m	I-type lectin-domain containing receptor kinase -like	1,28775
ppa011788m	mitochondrial glycoprotein family protein	0,980878
ppa001517m	receptor protein kinase 1-like	1,51867
ppa003992m	protein	-2,24006
ppa014227m	NA	1,62319
ppa012435m	NA	0,703456
ppa008895m	inositol phosphorylceramide synthase 1	0,904955
ppa001659m.ppa018496	probable sugar phosphate phosphate translocator at3g11320-like	0,823297
ppa005318m	anthocyanin 5-aromatic	3,17993
ppa004949m	NA	-1,0617
ppa010206m	clathrin light chain protein	1,5929
ppa009029m	pyridoxal biosynthesis protein	-1,01474
ppa003086m	pyruvate decarboxylase	1,21133
ppa015767m.ppa023752m	NA	1,80567
ppa002818m	NA	0,813
ppa009331m	NA	0,626382
ppa023741m	NA	-1,39285
ppa011811m	abscisic acid receptor pyl4	-1,97275
ppa026412m	mate efflux family protein	-1,09653
ppa006443m	sec14 cytosolic factor family protein	-0,716573
ppa009084m	sex determination protein tasselseed-2-like	2,66567
ppa009037m	NA	0,670495
ppa007516m.ppb022882m	serine threonine-protein kinase ht1-like	1,1987
ppa013428m	NA	-4,75655
ppa018775m	NA	-1,85004
ppa004588m	serine threonine-protein kinase chloroplastic-like	-1,25425

ppa020089m	probable Irr receptor-like serine threonine-protein kinase at1g06840-like	0,889786
ppa005202m	NA	-0,761577
ppa012452m	NA	3,24779
ppa017529m	NA	-2,06897
ppa024251m	NA	-0,932931
ppa026822m	NA	-1,26295
ppa005889m	proteinase inhibitor serpin emp24 gp25l p24	0,683816
ppa008917m	pentatricopeptide repeat-containing protein at4g38150-like	1,10349
ppa012278m	NA	0,87138
ppa013857m	NA	0,767303
ppa003097m	flagellar biosynthesis protein expressed protein	-0,723817 1,2651
ppa003269m	pectinesterase family protein	-1,158
ppa004437m	luminal binding protein	1,4527
ppa002572m	mitochondrial substrate carrier family protein	2,17909
ppa008760m	protein	-1,18968
ppa010398m	NA	-0,887233
ppa002906m	stress regulated protein	-1,17473
ppa008298m	NA	-2,56056
ppa007846m	NA	-1,59821
ppa003135m	NA	1,56726
ppa011581m	NA	1,26976
ppa009733m	calcium ion binding	NA
ppa005585m	auxin-responsive protein	-1,32096
ppa009254m	ethylene receptor	1,44976
ppa001846m	I-allo-threonine aldolase	0,695005
ppa007684m	NA	0,937715
NA	embryo-specific protein 1	-2,07723
ppa010656m	atp-dependent metalloprotease	-1,75456
ppa000333m	NA	-0,828708
ppa002693m	ammonium transporter	1,74229
ppa010742m	ammonium transporter	-0,917908
ppa004450m	NA	-1,18443
ppa007427m	violaxanthin de-epoxidase	-2,22843
ppa005029m	subtilisin-like protease	-1,02128
ppa001938m	exostosin family protein	2,09985
ppa004757m	NA	-2,60121
ppa017605m	auxin efflux carrier component	-1,7498
ppa007621m	tyrosine specific protein phosphatase family protein	-0,966002
ppa011207m	conserved hypothetical protein	1,80361
ppa009517m	phosphatidylcholine-sterol o-	-2,17272
ppa005653m	protein	1,30477
ppa007965m	-like protein	0,933823
ppa011028m	NA	0,933175
ppa000609m	o-glucosyltransferase rumi-like	-1,66804
ppa008339m	dna damage-binding	0,8212
ppa022497m	NA	-0,80799
ppa002651m	neutral ceramidase	-0,86611
ppa001694m	receptor protein	0,877834
ppa005064m	NA	2,6602
ppa001019m	acetyl-coenzyme a synthetase	-1,70083
ppa002031m	shoot1 protein	1,89162
ppa008265m	NA	-1,1979
ppa003329m		-1,57037

ppa024332m	NA	-1,34255
ppa019773m	protein phosphatase 2c 26	-0,869919
ppa025609m	calcineurin-like metallo-phosphoesterase-like protein	-0,905794
ppa003333m	NA	1,28684
ppa022175m	fad nad -binding oxidoreductase domain-containing protein	-1,27973
ppa004913m	with no lysine kinase	1,22406
ppa010314m	NA	1,25127
ppa000683m	insulin-degrading enzyme-like	-0,958916
ppa004544m	NA	1,28121
ppa003090m	kinase interacting (kip1-like) family protein	0,931609
ppa002781m.ppa016536m	probable inactive receptor kinase at5g58300-like	-0,943793
ppa003347m	root phototropism protein 2	-1,70303
ppa012567m	photosystem i reaction center subunit v	-1,35379
ppa012934m	NA	0,750512
ppa011160m	predicted protein	-2,76957
ppa005467m.ppa013627m	amino acid permease	0,95756
ppa001841m	alkaline alpha galactosidase i	2,01531
ppa025514m	subtilisin-like protease	-0,890482
ppa022793m	NA	1,74675
ppa027120m	NA	2,60072
ppa019605m	NA	1,80802
NA	NA	-1,16763
ppa007744m	fructose-bisphosphate aldolase	-1,27528
ppa000573m	probable Irr receptor-like serine threonine-protein kinase at4g26540-like	-2,35353
ppa021681m	fk506-binding protein	-1,02154
ppa002793m	protein plastid movement impaired 2-like	1,23923
NA	NA	1,78627
ppa018304m	late embryogenesis-abundant protein	Inf
ppa011828m	NA	0,734925
ppa018563m	udp-glycosyltransferase 1	-1,21621
ppa007308m	NA	1,25099
ppa006696m	NA	5,90002
ppa009944m	tropinone reductase homolog at1g07440	-1,7376
ppa014321m	NA	1,46182
ppa001408m.ppa004225m	copper ion binding	-1,16204
ppa002797m	NA	2,03004
ppa005534m	oxysterol-binding protein	0,686938
ppa010233m	protein	-0,811931
ppa000648m	gtpase obg	-0,720908
ppa001475m	NA	0,964788
ppa019890m	NA	-0,920519
ppa005864m	auxin-regulated protein	2,47079
ppa010367m	NA	2,86881
ppa006964m	gtp cyclohydrolase ii	-2,249
ppa019262m	NA	-3,15615
ppa000777m	non-specific serine threonine protein kinase	-1,73946
ppb004154m	probable serine threonine-protein kinase rlckvii-like	-0,650114
NA	NA	1,77649
NA	NA	1,93194
ppa002832m	interactor of constitutive active rops chloroplastic-like	-0,816954
ppa010020m	NA	1,24666

ppa001557m	auxin response factor 4	-0,934236
ppa012336m	NA	-1,36831
ppa003432m	protein disulfide isomerase I-2	1,0169
ppa009689m	NA	-1,07071
ppa012603m	protein	-3,37417
ppa002211m	cyclic nucleotide-gated ion channel 15-like	-0,835078
NA	NA	-0,756854
ppa008910m	NA	0,811196
ppa004507m	serine carboxypeptidase	1,05928
ppa005437m	probable glucuronoxylan glucuronosyltransferase irx7-like	0,890534
ppa011810m	50s ribosomal protein l9	-0,873992
ppa019738m	lethal leaf spot 1-like protein	1,18377
ppa019450m	lysine histidine transporter 1-like	1,81503
ppa001268m	morn (membrane occupation and recognition nexus) repeat-containing protein	-0,744973
ppa010239m	hypothetical protein RCOM_1180720	-1,49118
ppa012383m	protein	-1,23058
ppa004817m	fatty acyl- reductase 3-like	-1,82465
ppa017666m	NA	0,759401
ppa015117m	NA	2,01801
ppa012015m	NA	1,45225
ppa003856m	NA	-1,79761
ppa014999m	NA	2,35225
ppa008094m	NA	0,870526
ppa006952m	e3 ubiquitin-protein ligase rhf2a	0,839668
ppa008440m	NA	3,46772
ppa023756m	protein	-1,49321
ppa025914m	lysosomal beta glucosidase-like	0,800426
ppa004484m	beta-glucosidase 11-like	1,13891
ppa007298m	protein kinase chloroplastic-like	2,18156
ppa013302m	NA	-1,87461
ppa004515m	NA	-0,676895
ppa007407m	protein	-0,841211
ppa011897m	stress enhanced protein 2	0,723003
NA	NA	3,2987
ppa016560m	fkbp-type peptidyl-prolyl cis-trans isomerase 4	-1,16203
ppa002282m	acyl- oxidase	1,25951
ppa015109m.ppb012338		
m	NA	-0,871651
ppa010790m	NA	-2,34762
ppa021414m	NA	3,66861
ppa011877m	protein chromosomal-like	-0,818105
ppa011717m	NA	2,54967
ppa000319m	geminivirus rep-interacting motor	-0,864103
ppa010593m	uncharacterized isochorismatase family protein pnca	1,28254
ppa001508m	kinase family protein	-0,794856
ppa002778m	NA	2,75851
ppa007622m	NA	4,35887
ppa007627m	NA	Inf
ppa002290m	NA	-0,758009
ppa014473m	NA	0,902388
ppa013265m	hydroxyproline-rich glycoprotein	2,24016
ppa009614m	NA	0,746811
ppa006424m	protein	1,1995

ppa001240m	pentatricopeptide repeat-containing protein chloroplastic-like	-0,99703
ppa008489m	NA	0,840239
ppa002888m	btb poz domain-containing protein at5g67385-like	-0,941267
ppa009459m	prolyl 4-hydroxylase subunit alpha-1	1,0211
ppa026658m	u-box domain-containing protein 4-like	1,48011
ppa004490m	metal transporter nramp3	0,935196
ppa021558m	NA	-1,42196
ppa008462m	2-oxoglutarate-fe -dependent oxygenase domain-containing protein	0,811938
ppa008139m	cyclin delta-3	-1,27604
ppa003513m	rna polymerase sigma factor rpd	-0,677225
ppa005670m	protein kinase	1,4114
ppa002099m	NA	1,66117
ppa000305m	ethylene insensitive	0,7812
ppa016754m	NA	3,32115
ppb018229m	NA	1,28882
ppa001926m	pentatricopeptide repeat-containing protein chloroplastic-like	-0,805535
ppa010426m	ascorbate peroxidase	1,9542
ppa011002m	myb family transcription factor	-1,06857
ppa007903m	zinc finger ccch domain-containing protein 11-like	0,75738
ppa000373m	NA	0,89523
ppa010816m	protein in2-1 homolog b-like	1,14486
ppa007234m	uncharacterized membrane protein stkorf319-like	-0,796546
ppa003717m	NA	0,709091
ppa003006m	ankyrin repeat-containing protein at3g12360-like	-1,81222
ppa020479m.ppa022443		
m.ppa023423m	NA	1,16128
ppa007747m	tetratricopeptide repeat domain-containing protein	0,883785
ppa018485m	plant-specific domain tigr01589 family protein	1,63692
ppa008713m	retinol dehydrogenase	-1,70728
ppa001365m	cation h(+) antiporter 20-like	-1,19755
ppa007056m	NA	-1,37041
ppa010226m	NA	-2,35238
ppa008834m	NA	-1,23399
ppa027046m	protein	-1,52792
ppa020460m	NA	1,38407
ppa013648m	one helix protein	-1,01934
ppa002342m	I-type lectin-domain containing receptor kinase -like	3,15392
ppa005184m	ribulose bisphosphate carboxylase oxygenase activase	-1,04523
ppa017515m	dynein light chain type 1 family protein	-1,2963
ppa002471m	o-fucosyltransferase family protein	2,47838
ppa006126m	chaperone protein dnaj-like protein	0,713871
ppa015356m	probable anion transporter chloroplastic-like	-0,776131
ppa010229m	predicted protein	-0,787464
ppa004263m	gdp-mannose-dependent alpha-mannosyltransferase-like	1,45444
ppa007856m	NA	2,30276
ppa020322m	protein	2,07864
ppa010639m	gamma-interferon-inducible lysosomal thiol reductase	-1,41278
ppa010086m	NA	1,73841
ppa013632m	macrophage migration inhibitory factor family protein	2,15197
ppa004009m	NA	2,72487
ppa002410m	f-box Irr-repeat protein 3-like	1,07655
ppb022892m	cys-rich domain protein	-1,90077
ppa022321m	NA	-1,49425

ppa002877m	vacuolar sorting receptor 1	0,84693
ppa005849m	mannan endo- -beta-mannosidase 6-like	-0,996101
ppa003389m	transposon protein en spm sub-class	-1,44455
ppa007556m	alphavirus core protein family	1,03397
ppa017177m	at3g08600 f17o14_7	-1,66316
ppa000924m	probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at5g49770-like	0,963469
ppa018586m	probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at5g49770-like	1,76441
ppa008294m	galactinol synthase	3,01856
ppa011482m	domain-containing protein 1	-0,838368
ppa010301m	NA	1,46894
ppa011502m	NA	1,1434
ppa000671m	haloacid dehalogenase-like hydrolase domain-containing protein	-1,395
ppb025182m	pentatricopeptide repeat-containing protein at5g66520-like	-1,17554
ppa008576m	nicotianamine synthase	-0,703087
ppa019171m	NA	-1,81919
ppa001439m	NA	-0,659551
ppa017404m	single-stranded dna-binding protein	1,41637
ppa023746m	tpr repeat	-1,21532
ppa008549m	serine threonine protein phosphatase	0,930198
ppa013870m	hypoxia-responsive family protein	1,06869
ppa009158m	f-actin-capping protein subunit alpha	-0,704561
ppa010419m	rubber elongation factor	1,02742
ppa017472m	chloroplast-targeted copper	-2,16973
ppa001311m	NA	1,1648
ppa001016m	NA	0,708203
ppa001287m	NA	-1,18669
ppa014919m	uncharacterized gpi-anchored protein at3g06035	-1,58277
ppa012492m	signal peptidase complex subunit 3b	0,712805
ppa009374m	protein	-1,07474
ppa007207m	NA	-0,857428
ppa001219m	protein	1,33842
ppa018174m	gibberellin receptor	0,851721
ppa004574m	NA	1,52498
ppa012845m	NA	1,07392
ppa000944m	enhanced disease resistance 1	1,07914
ppa009662m	NA	-0,698363
ppa008600m	NA	1,7108
ppa011413m	protein	-0,816017
ppa005939m	ankyrin repeat family protein	0,744987
ppa006738m	wvd2-like 1	1,4246
ppa017028m	NA	3,45876
ppa005554m	predicted protein	-0,879757
ppa009865m	NA	1,59946
ppa004835m	pentatricopeptide repeat-containing protein	-0,862927
NA	NA	-1,12769
ppa011808m	exosome complex component csl4	1,48205
ppa022458m	PREDICTED: uncharacterized protein LOC100251233	2,24675
NA	NA	-2,00775
ppa012512m	regulator of ribonuclease-like protein 2	0,980166
ppa005545m	serine carboxypeptidase-like 20-like	-0,778346
ppa006001m	calreticulin-3- partial	1,37823
NA	NA	-3,56645

NA	NA	1,92346
NA	NA	-2,66174
NA	NA	1,2291
NA	NA	-1,53245
NA	NA	-3,97663
NA	NA	3,15568
NA	NA	-1,21729
NA	NA	-2,36139
ppa012070m	calmodulin	1,13337
ppa003472m	probable peptide nitrate transporter at1g22540-like	0,67016
ppa003500m	ca2+ antiporter cation exchanger	0,828069
ppa003945m.ppa021007m	polyribonucleotide nucleotidyltransferase	-0,865027
ppa014118m	NA	-1,22687
NA	NA	1,53438
ppa005649m	alpha-tubulin	0,638292
ppa006457m	glutamate dehydrogenase 1	-2,50778
ppa025570m	protein	-1,03112
ppa026424m	NA	1,41405
NA	NA	-1,5191
ppa021687m	NA	-1,33777
ppa013612m	NA	-0,764993
ppa024895m	NA	-1,73629
ppa006250m	glutaredoxin family protein	-1,42021
ppa009660m	pyrroline-5-carboxylate reductase	1,4963
ppa019553m	NA	-2,01037
ppa014675m	heat shock factor	3,28703
ppa004177m	NA	-1,3164
ppa001174m	leucine-rich repeat receptor-like tyrosine-protein kinase at2g41820-like	-1,10722
ppa006136m	guanylate kinase	1,06618
ppa026014m	NA	-0,982341
ppa007803m	wd repeat-containing protein 55-like	0,984991
ppa012043m	thioredoxin-like protein	-1,67344
ppa008644m	NA	2,64179
ppa022023m.ppa023459m.ppa024258m.ppa026003m	NA	1,00025
ppa018057m	zinc finger protein	-1,71542
ppa017093m	4-coumarate ligase	-1,80369
ppa008578m	NA	-1,06372
ppa007596m	33 kda chloroplastic-like	-0,923501
ppa000956m	NA	0,90464
ppa010582m	NA	0,966996
ppa017935m	NA	-1,42314
ppa021442m	NA	-1,45371
ppa023443m	NA	-1,1923
ppa022396m	transcription termination factor domain-containing protein	-0,718476
ppa025680m	NA	2,30616
ppa017145m	NA	1,31137
ppa022699m	NA	-1,36774
ppa009138m	chaperone protein dnaj-like protein	0,853179
ppa005248m	NA	1,74628
ppa004100m	gtpase activating	-0,786798

ppa017495m	NA	2,96213
ppa006110m	NA	3,823
ppa009343m	NA	1,09038
ppa012685m	NA	2,14935
ppa004273m	iron-sulfur assembly-like protein	-0,795616
ppa018689m	solute carrier family 35 member f1-like	1,85734
ppa008281m	uridine nucleosidase 1-like	1,02624
ppa025166m	cytochrome p450	-2,61428
ppa000212m	NA	1,5843
ppa015643m	NA	Inf
ppa010282m	nucleotide-diphospho-sugar transferases superfamily protein	-1,34661
ppa010963m	peroxiredoxin-2e- chloroplastic-like	-1,19786
ppa023382m	NA	-1,14339
ppa002357m	probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at1g68400-like	-1,30841
ppa003756m	protein	0,98468
ppa010848m.ppa019811		
m	NA	-1,05576
ppa003701m	carotene epsilon- chloroplastic-like	-0,788535
ppa004881m	probable pectate lyase 12-like	-1,86522
ppa000269m	abc transporter b family member 1-like	-1,62206
ppa005715m	NA	2,55402
ppa006957m	pi-plc x domain-containing protein at5g67130-like	-1,34747
ppa014897m	transcription factor spatula	-1,30864
ppa004453m	probable serine threonine-protein kinase at1g01540-like	-2,44232
ppa001828m	subtilisin-like protease	-1,49972
ppa005157m.ppa022003		
m	NA	2,61196
ppa005260m	NA	3,40392
ppa009274m	heat shock factor	1,81546
ppa025180m	NA	-0,803102
ppa026104m	NA	-0,844352
ppa018440m	3-ketoacyl- reductase	-3,01786
ppa009212m	meiotically up-regulated gene 66 protein	0,859252
ppa008998m	gns1 sur4 membrane family protein	0,764615
NA		Inf
ppa004376m	NA	1,63029
ppa004997m	NA	-1,04811
ppa018291m	alpha beta fold family protein	-0,789493
ppa011346m	NA	0,698361
ppa000194m	NA	-0,933232
ppa005204m	NA	0,860345
ppa004657m	atp binding	2,27189
ppa004603m	NA	1,3857
ppa026918m	aaa-type atpase like protein	1,48277
ppa016999m	aaa-type atpase like protein	1,93684
ppa001346m	disease resistance protein	1,92526
ppa009997m	NA	6,84141
ppa005514m	NA	2,98769
ppa011637m	NA	2,51875
ppa002826m	protein	-0,80842
ppa008278m	NA	-1,14309
ppa006636m	upf0183 protein at3g51130-like	0,640961
ppa001146m	NA	-1,81412

ppa021513m	lysosomal alpha-mannosidase	-2,87626
ppa000366m	histidine kinase osmosensor protein	-1,51073
ppa006861m	protein phosphatase	1,05971
ppa011645m	protein	0,968704
ppa003832m	2-succinylbenzoate- ligase	1,98946
ppa022087m	adipocyte plasma membrane-associated	1,11047
ppa021964m	serine acetyltransferase	-0,870859
ppa022589m	NA	-2,23005
ppa018924m	NA	-2,01386
ppa001187m	NA	-0,818214
ppa020695m	glutamate receptor	-2,15786
ppa004300m	pectinesterase	-1,28571
ppa011269m	peroxiredoxin q	-1,32861
ppa012444m	21 kda	-3,25783
ppa010035m	chlorophyll a-b binding chloroplastic-like	-1,02101
ppa011422m	NA	-1,97408
ppa016008m	NA	1,98556
ppa007830m	mitogen-activated protein kinase kinase 2	1,36971
ppa017027m	NA	2,85173
ppa003540m	probable polyamine oxidase 5-like	-2,08844
ppa024374m	gata transcription factor 22	-1,06663
ppa014123m.ppa014668		
m	NA	-0,970648
NA	NA	2,75914
ppa011072m	thioredoxin-like chloroplastic-like	-0,685702
ppa008871m	protein	-0,987029
ppa003366m	potassium efflux antiporter	-0,894504
ppa004446m	NA	0,64287
ppa004775m	nac domain ipr003441	-1,24044
ppa019819m	NA	-1,31371
ppa007112m	probable pectinesterase 53-like	-2,18964
ppa006997m	senescence dehydration-associated protein	1,12263
ppa007474m.ppa012360		
m	NA	-2,19956
ppa001464m	dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase subunit stt3-like	0,739152
ppa000765m	elongation factor ts family protein	-1,16879
ppa007164m	NA	0,65298
ppa000309m	NA	1,58415
ppa013016m	ethylene-responsive transcriptional coactivator-like protein	0,840189
ppa008830m	NA	2,96102
ppa002423m	trna -lysidine synthase	-0,79755
ppa013131m	dynein light chain	3,53511
ppa020675m.ppa022047		
m	NA	-1,60172
ppa002052m	aim1 protein	0,842757
ppa006261m	methylthioribose kinase	1,98556
ppa004615m.ppa005499		
m	taxadien-5-alpha-ol o-	1,7754
NA	NA	-0,89234
ppa000236m	abc transporter	-1,55034
ppa002548m	nodulation receptor kinase	-1,34759
ppa015065m	NA	-2,61015
ppa013075m	NA	1,09138
ppa008380m	e3 ubiquitin-protein ligase march3	0,684432

ppa013408m	PREDICTED: uncharacterized protein LOC100854031	1,70023
ppa013244m	zinc finger ser thr protein kinase-like protein	-1,76319
ppa008641m	nadh-cytochrome b5 reductase-like protein	0,693153
ppa022313m	fasciclin-like arabinogalactan protein 9	-2,67616
ppa010601m	ethylene-responsive transcription factor win1-like	-1,70372
ppa003009m	ein3-binding f-box protein 1-like	0,714436
ppa010678m	NA	1,65405
ppa011524m	NA	2,92512
NA	NA	-2,47396
ppa003392m	f-box lrr-repeat protein 14-like	0,741441
ppa009354m	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	-0,760015
ppa007698m	homeobox protein knotted-1-like 3-like	1,58241
ppa007882m	uncharacterized methyltransferase chloroplastic-like	-1,17102
ppa011611m	NA	0,685762
ppa004340m	NA	1,129
ppa001968m.ppa010613m	tubulin folding cofactor b	-0,894332
ppa008105m	metallophosphatase domain-containing protein	0,99873
ppa005254m	NA	0,805343
ppa019544m	chloroplast omega-6 fatty acid desaturase	-0,647585
ppa019670m	receptor-like protein kinase	-1,28565
ppa019210m	carboxypeptidase d	-2,5093
ppa002595m	NA	2,16317
ppa015930m	conserved hypothetical protein	-2,35115
ppa005294m	udp-glucosyltransferase 74f2	1,66295
ppa008710m	elmo domain-containing protein a	0,937583
ppa008733m	NA	1,41242
ppa021795m	NA	-2,53877
ppa024779m	PREDICTED: uncharacterized protein LOC100267181	-1,13199
ppa009513m	peroxidase	1,62648
ppa024292m	NA	1,26465
ppa001746m	leucine-rich repeat	-1,26628
ppa009117m	NA	2,01267
ppa011498m	adenylyl-sulfate kinase chloroplastic-like	2,30079
ppa005641m	glucan endo- -beta-glucosidase	1,01128
ppa015076m	NA	-0,911481
ppa009372m	thioredoxin-like 1- chloroplastic-like	0,820086
ppa007445m	nac domain ipr003441	4,58179
ppa023624m	syntaxin-related protein knolle	-2,42534
ppa005771m	transcription elongation factor family protein	0,786041
NA	NA	-2,25672
ppa003922m	vacuolar amino acid transporter 1-like	-1,74695
NA	NA	-1,09511
ppa010137m	methyltransferase ddb_g0268948-like	1,25662
ppa003167m	l-galactono- -lactone dehydrogenase	1,68691
ppa003146m	probable methyltransferase pmt7-like	-1,02544
NA	NA	2,20096
ppa008126m	NA	3,15384
ppa022316m	predicted protein	2,55462
ppa004200m	nadph-dependent thioredoxin reductase 3-like	-0,81554
ppb017529m	NA	2,67326
ppa000903m	insulin degrading enzyme	0,654676
ppa024647m	protein	2,28364
ppa001730m	seed imbibition protein	5,92074

ppa004069m	NA	1,6439
ppa010959m	remorin-like protein	2,32011
ppa003524m	acyl- oxidase	-0,82054
ppa001595m	exostosin family protein	-1,62138
ppa007919m	transcription factor bhlh60	-1,72732
ppa008474m	NA	1,38542
ppb024948m	cyclic nucleotide-gated ion channel 1-like	1,39508
ppa021582m	squamosa promoter-binding-like protein 9-like	-1,61122
ppa016067m	two-component response regulator arr2	-1,20431
ppa020196m	NA	-1,67469
NA	NA	2,70069
ppa021998m	NA	2,29222
ppa002926m	dead-box atp-dependent rna helicase 37-like	0,759094
ppa007440m	protein	-2,02069
NA	NA	-2,66687
ppa017682m	homogentisate solanesyltransferase	-1,01258
ppa011744m	NA	2,3824
ppa026745m	probable glutamate carboxypeptidase 2-like	-3,72932
ppa001882m	abc transporter g family member 22	1,12422
ppa002734m	calcium dependent protein kinase 1	2,85341
ppa003063m	start domain-containing protein	0,796967
ppa1027144m	NA	-2,55758
ppa008664m	syntaxin-related protein nt-syr1	1,27508
ppa1027169m	protein	3,26552
ppa002158m	bel1-like homeodomain 1	0,959594
ppa001252m	NA	-1,42733
ppa005104m	aspartic proteinase nepenthesin-2-like	-2,16292
ppa026994m	unknown	-2,09793
ppa010050m	protein	-2,23373
ppa009651m	probable ccr4-associated factor 1 homolog 11-like	0,959734
ppa025103m	NA	1,99448
ppa021144m	carbonic anhydrase	-2,03126
ppa012097m	NA	1,30499
ppa003901m	NA	1,17357
ppa005968m	NA	0,934683
ppa007714m	fructose bisphosphate aldolase	0,802793
ppa004037m	glucomannan 4-beta-mannosyltransferase 9-like	-0,985671
ppa005330m	NA	2,07897
ppa010815m	vacuolar protein-sorting-associated protein	0,865109
ppa019633m	udp-glucosyl transferase 73d1	3,18678
ppa004804m	NA	1,53595
ppa018454m	udp-glycosyltransferase 73c2-like	2,25695
ppa023231m	protein	-0,722702
ppa002810m	major facilitator protein	2,6246
NA	NA	-3,06955
ppa007987m	protein kinase-like protein	2,49737
ppa013195m	pinus taeda anonymous locus umn_2818_01 genomic sequence	-2,30656
ppa022418m	50s ribosomal protein l25-like	0,996876
ppa014998m	NA	1,56974
ppa001498m	NA	2,36424
ppa008556m	NA	-0,990247
ppa015635m	NA	-2,54928
ppa018866m	NA	4,48967
ppa019104m	NA	1,70289

ppa012618m	synechocystis ycf37-like protein	-0,844531
ppa011052m	NA	0,899777
ppa006923m	coiled-coil domain-containing protein	3,24508
ppa007368m	NA	-0,751083
ppa005683m	protein	1,23295
ppa003675m	gras family transcription factor	0,67952
ppa004299m	zinc finger protein	1,13572
ppa019533m	NA	-3,91702
ppa008854m	epoxide hydrolase 2	3,34557
ppa012724m	NA	-0,8439
NA	NA	1,72627
ppa013480m	NA	-2,16435
ppa002122m	oligopeptide transporter 7-like	1,93124
NA	NA	-1,37438
ppa004265m	aspartyl protease family protein	1,72525
ppa004096m	aspartyl protease family protein	0,964503
ppa012570m	NA	0,827727
ppa013035m	protein	1,40281
ppa005408m	lysine histidine transporter	2,35845
ppa008859m	NA	2,73934
ppa006013m.ppa016741		
m.ppa017259m	phosphoserine aminotransferase	0,884201
ppa015438m	disease resistance response protein	1,62959
ppa012068m	conserved hypothetical protein	0,707987
ppa006181m	aromatic and neutral amino acid transporter	1,0881
ppa007040m	thioredoxin reductase	0,923137
ppa011303m	protein tify 3b	0,84936
ppa000657m	lysine-ketoglutarate reductase saccharopine dehydrogenase	2,35955
ppa007740m	bifunctional enzyme	1,23759
ppa009778m	protein	1,70461
ppa004461m	protein tify 10a	0,918894
ppa001798m	aldehyde dehydrogenase family 7 member a1	-2,62656
ppa014113m	subtilisin-like protease	-0,807063
ppa019028m	syntaxin-related protein nt-syr1	1,18221
ppa004153m.ppa004188	kinase-like protein	
m	NA	1,13516
ppa011460m	germin-like protein	-5,34403
ppa011467m	NA	-4,36623
ppa006756m	12-oxophytodienoate reductase 3	2,16728
ppa017136m	NA	0,78856
ppa013406m	ultraviolet-b-repressible protein	-1,65015
ppa011120m	charged multivesicular body protein	0,636454
ppa007278m	protein brevis radix-like 4-like	-0,761257
ppa005286m	NA	2,91069
ppa004231m	lycopene epsilon cyclase	-1,14401
ppa001412m	NA	-1,37205
ppa008425m	NA	-1,27438
ppa004708m	xaa-pro dipeptidase	0,726826
ppa005751m	iaa-amino acid hydrolase ilr1-like 4	0,633528
NA	NA	-4,51947
ppa006267m	PREDICTED: uncharacterized protein LOC100245695	-2,54538
ppa000737m.ppa022950		
m	NA	1,62242
ppa006926m	NA	1,5798

ppa009134m	NA	-1,19829
ppa012103m	alpha beta fold family protein	-2,70648
ppa006650m	protein mrp homolog	-0,962437
ppa013199m	chloroplast-targeted copper	-1,38032
ppa006940m	serinc-domain containing serine and sphingolipid biosynthesis protein	-1,48975
ppa004555m	aldehyde dehydrogenase	1,26588
NA	NA	0,895065
ppa011241m	peroxisomal membrane 22 kda (mpv17 pmp22) family protein	-0,880442
ppa009726m	NA	-2,28422
ppa002044m	pentatricopeptide repeat-containing protein	-1,14848
ppa025100m	chlororespiratory reduction partial	-1,32572
NA	NA	-2,36649
ppa006708m	NA	-2,22835
ppa008723m	peroxidase	1,36995
ppa012028m	axial regulator yabby 5	-1,09277
ppa003005m	epsin n-terminal homology domain-containing protein	0,781599
ppa010871m	NA	-2,29197
ppa006069m	protein	-0,812322
NA	NA	-1,59183
ppa001896m	galactinol--sucrose galactosyltransferase 6	3,23863
ppa010958m	proline-rich protein	-5,36171
ppa000639m	NA	0,759159
ppa001782m	NA	2,82066
ppa004867m	adenylate kinase family protein	-1,37722
ppa000206m	serine threonine protein	1,38976
ppa007396m	glycosyl hydrolase family 18 protein	-2,80233
ppa002988m	calmodulin-binding protein	1,57233
ppa002580m	reticulon-like protein b21-like	-1,13164
ppa019306m	btb poz domain with wd40 yvtm repeat-containing protein	1,05507
ppa013790m	ubiquitin family protein	-1,04973
ppa002448m	protein	-1,38619
ppa008799m	NA	1,5743
ppa008180m	nadp-dependent alkenal double bond reductase p2	0,867006
ppa008164m.ppa009659m	chloroplast outer envelope protein 37	-0,737852
ppa004012m	protein	2,876
ppa003184m	methylenetetrahydrofolate reductase	0,869086
ppa007425m	histone-lysine n-methyltransferase ashh3-like	-1,11554
NA	NA	-3,201
NA	NA	-2,61764
NA	NA	-2,68741
NA	NA	-1,88947
NA	NA	-1,79983
NA	NA	-0,64061
NA	NA	-2,8345
NA	NA	-1,39044
NA	NA	-1,29994
NA	NA	-0,967466
NA	NA	-4,39163
NA	NA	-3,85763
ppa000606m	aspartokinase-homoserine dehydrogenase	-0,856903
ppa015056m	NA	3,52868
ppa010416m	senescence-inducible chloroplast stay-green protein 1	-2,10784

ppa016614m	NA	-2,08166
ppa012199m	thioredoxin m	-1,04835
ppa011316m	peroxiredoxin	-0,812937
ppa006448m	u-box domain-containing protein	2,97501
ppa005028m	histidine decarboxylase	0,684212
ppa010996m	vacuolar iron transporter homolog 4-like	-4,77155
ppa008222m	fructose- - cytosolic	-1,3208
ppa017008m.ppa026259		
m	lectin-like protein	-0,955432
ppa000851m	pre-mrna splicing factor	-0,788232
ppa007318m	serine threonine protein kinase-like protein	0,854325
ppa007748m	NA	0,914666
ppa008037m	NA	1,187
ppa004074m	30s ribosomal protein s1-like	-0,665801
ppa000155m	1-phosphatidylinositol-3-phosphate 5-kinase-like	1,10537
ppa023417m	leucine-rich repeat receptor-like tyrosine-protein kinase at2g41820-like	2,66118
ppa019491m.ppa020221		
m	unnamed protein product	0,823397
ppa018765m	NA	1,11468
ppa012386m	short-chain type	1,46428
ppa017647m	NA	1,27736
ppa004665m	calcium-dependent protein kinase 4	-0,712151
ppa011746m	PREDICTED: uncharacterized protein LOC100267500	1,14118
ppa013624m	peptidyl-prolyl isomerase fkbp12	0,65192
ppa003588m	2-oxoglutarate malate translocator	-0,945265
NA	NA	0,962955
ppa002200m	NA	4,02556
ppa001507m	k+ efflux antiporter 3	-0,794268
ppa013764m	saur family protein	-3,18406
ppa011113m	protein	-0,89018
ppa003335m	amidophosphoribosyltransferase	-0,770801
ppa000583m	kinesin-related protein	-0,850851
ppa005275m	purple acid phosphatase	2,04372
ppa012319m	adenine nucleotide alpha hydrolases-like protein	1,32091
ppa015823m	NA	-3,43155
ppa009032m	erythonate-4-phosphate dehydrogenase family protein	-0,916124
ppa009549m	NA	1,76744
ppa009236m	NA	1,10812
ppa006072m	nucleotide-diphospho-sugar transferase family protein	1,00345
	dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase	
ppa005938m	48 kda subunit	0,628684
ppa003510m	cytochrome c biogenesis protein chloroplastic-like	-0,712027
ppa017158m	catalytic coenzyme binding protein	-1,43043
ppa020192m	NA	-2,68548
ppa011743m	plastid division2 protein	-0,847764
ppa020268m	NA	1,10907
ppa001077m	protein	1,00192
ppa009922m	maternal effect embryo arrest 14 protein	0,790397
ppa007865m	NA	1,34008
ppb012245m	NA	-0,915351
ppa007775m	NA	0,839111
ppa003176m	cdpk-related protein kinase-like	-1,1448
ppa022890m	NA	1,41687
ppa009160m	NA	1,3946

ppa009174m	NA	1,52878
NA	NA	-2,3358
ppa006333m	protein	-0,775657
ppa006752m	dna binding	1,18048
ppa012298m	thioredoxin m	1,36352
ppa004084m	protein	0,888422
ppa006614m	pi-plc x domain-containing protein at5g67130-like	0,749426
ppa006352m	u-box domain-containing protein	-1,18813
ppa010497m	NA	1,65022
ppa005024m.ppa021430		
m.ppb012676m	NA	-1,66915
ppa004924m.ppa014816		
m	protein	1,62644
ppa012897m	peptidase m	0,964803
ppa003134m	indole-3-acetic acid-amido synthetase	2,227
ppa001449m.ppa006872		
m.ppa009693m	NA	-1,1923
ppa014259m	NA	1,438
ppb009520m	brassinosteroid insensitive 1-associated receptor kinase 1 precursor	1,34934
ppb019557m	NA	0,779725
ppa002521m	PREDICTED: uncharacterized protein LOC100242868	-1,52784
ppa013574m	NA	3,28651
ppa011881m	NA	-1,45994
ppa006621m	sterol regulatory element-binding protein site 2	0,957282
ppa005426m	II-diaminopimelate aminotransferase	0,793609
ppa008631m	NA	-1,07842
ppa007398m	2 calcium sensor	0,85212
ppa010070m	5 -methylthioadenosine s-adenosylhomocysteine nucleosidase	1,02712
ppa013296m	NA	4,42529
ppa007395m	NA	-3,76075
ppa012332m	NA	0,90543
ppa004017m.ppa004262		
m	NA	-1,9135
ppa015688m	NA	-2,1876
ppa008035m	pathogenesis-related thaumatin-like protein	-1,99223
ppa013033m	actin depolymerizing factor 5	-1,16176
ppa006293m	erd7 protein	1,81539
ppa012939m	ubiquitin-conjugating enzyme e2 10	-0,788911
ppa009691m	plasma membrane intrinsic protein	-1,53344
ppa003998m	amine oxidase	-0,929357
ppa005784m	major facilitator protein	0,692552
ppa008415m	ankyrin repeat domain	-0,804448
ppa001100m	alanyl-tRNA synthetase	-1,11691
ppa010171m	expansin-like protein precursor	1,68359
ppa009455m	nac domain-containing	1,6676
ppa016630m	NA	0,84133
ppa008092m	domain-containing gpi-anchored protein	1,84332
ppa003352m	mate efflux family protein chloroplastic-like	0,926292
ppa002715m	NA	1,12223
ppa020804m	NA	2,04972
ppa006807m	alpha beta fold family protein	-1,69171
ppa012465m	NA	-0,9804
ppa011486m	histidine triad family protein	-0,991176
ppa009839m	e3 ubiquitin-protein ligase chip	0,781914

ppa006984m	o-glycosyl hydrolases family 17 protein	-0,996828
ppa008401m	quinone-oxidoreductase-like protein	0,798783
ppa003940m	p-loop containing nucleoside triphosphate hydrolase domain-containing protein	0,999563
ppa003801m	predicted protein	-1,47664
ppa007110m	NA	-1,13119
ppb003056m	pentatricopeptide repeat-containing protein	-0,88747
ppa009934m	pppde peptidase domain-containing protein	0,65435
ppa000265m	NA	0,947318
ppa000227m	NA	2,01224
ppa005041m	tyrosine decarboxylase	-0,920999
ppa003431m	heme oxygenase- multi-helical protein	2,56627
ppa014549m	h acb ribonucleoprotein complex subunit 3-like protein	0,864372
ppa026824m	NA	-1,24458
ppa016443m	NA	2,38297
ppa011562m.ppa020644		
m	NA	-1,63799
NA	NA	-1,74939
ppa011843m	auxin-induced protein	-1,19905
ppa005367m	NA	0,747394
ppa012929m	NA	2,48629
ppa000727m	calcium-transporting atpase plasma membrane-type-like	1,59418
ppa002556m	sulfate bicarbonate oxalate exchanger and transporter sat-1	-1,39342
ppa011432m	protein	2,8222
ppa001060m	fzo-like protein	-0,761378
ppa007155m	NA	-4,69537
ppa023171m	NA	-2,214
ppa009584m	eid1-like f-box protein 3-like	3,06404
ppa006375m	NA	-0,801727
ppa003815m	2og-fe oxygenase family protein	0,742134
ppa018962m	leucine-rich repeat family protein	-2,4028
ppa014807m	rac gtpase activating protein	-1,09858
ppa005198m	rac gtpase activating protein	-1,96619
ppa008509m	protein	-1,12404
ppa003344m	transport inhibitor response 1	-0,667575
ppa001352m	spermatogenesis-associated protein 20-like	-0,705605
ppa020872m	NA	-1,41729
ppa026610m	desiccation-related protein pcc13-62-like	-3,84364
ppa005776m	tetratricopeptide repeat -containing protein	-0,890694
ppa011928m	peripheral-type benzodiazepine receptor	4,72092
ppa000721m	zinc finger ccch domain-containing protein 31	-0,815796
ppa004626m	udp-glucuronic acid decarboxylase 2	0,940915
ppa013814m	NA	1,34328
ppa006130m	probable polygalacturonase-like	-2,12193
ppa006597m	NA	-2,2622
ppa007947m	protein	0,958007
ppa001821m	lipase class 3 family protein	0,986022
ppa027200m	brct domain-containing protein at4g02110-like	-1,28057
ppa016489m	NA	1,91249
ppa006033m	f-box protein	-0,784547
ppa009564m	NA	-0,73068
ppa000716m	sucrose-phosphate synthase	-0,995927
ppa003178m	NA	1,77088
ppa013499m	defender against cell death 1	0,740989

ppa001750m	probable methyltransferase pmt26-like	-0,920208
ppa025175m	embryo defective 2170	1,02361
ppa011368m	ras-related protein rab-18	1,13725
ppa008434m	NA	2,13674
ppa007099m	NA	-1,01413
ppa024677m	NA	-0,743675
ppa001042m	Irr receptor-like serine threonine-protein kinase rch1-like	-3,82713
ppa023089m	wd-repeat protein	-0,96333
ppa008658m	NA	1,20473
ppa011275m	cupredoxin-like protein	-2,34353
ppa015450m.ppa022551		
m.ppa026529m	NA	1,36223
ppa006086m	dna (cytosine-5)-methyltransferase drm2	-1,22963
ppa005058m	NA	3,87839
ppa007847m	rossmann-fold nad -binding domain-containing protein	-0,870227
ppa024206m.ppb009745		
m	protein	-0,920588
ppa003580m	NA	2,38333
ppa004125m.ppa010263		
m	NA	-1,21848
ppa009906m	short-chain type	1,85052
ppa004510m	c2-h2 zinc finger protein	1,42633
ppa002237m	leucine-rich repeat receptor-like tyrosine-protein kinase at2g41820-like	1,82027
ppa006537m	fructose- - chloroplastic-like	-0,682964
ppa006311m	beta-ureidopropionase	1,39805
ppa008738m	ring-h2 finger protein atl54-like	2,49765
ppa013320m	NA	-1,59131
ppa009421m	protein exordium like 2	1,41528
ppa009326m	mitochondrial carnitine acylcarnitine carrier-like protein	-0,738582
ppa009013m	fibrillarin 2	0,767649
ppa005256m	NA	1,73983
ppa013765m	NA	-2,40857
ppa013865m	NA	-1,85619
ppa012885m	saur family protein	-2,11843
ppa008694m	ubiquitin fusion degradation 1	0,824644
ppa002034m	NA	1,15025
ppa007916m	epimerase family protein slr1223-like	-0,857933
NA	NA	2,05501
ppa025159m	endo- -beta-glucanase partial	-1,26632
ppa001956m	protein	-0,65913
ppa005082m	xylulose kinase-1	-1,43905
ppa001363m	NA	-3,69489
ppa026165m	dna repair and recombination protein rad54-like	-1,18421
ppa010975m	NA	Inf
ppa021397m	atp binding	2,29027
ppa004192m.ppa023764		
m	NA	2,58319
ppa005829m	transcription factor bhlh63-like	-2,51158
ppa014060m	myb transcription factor myb142	-5,37542
ppa010784m	NA	3,22475
ppa007633m	NA	0,707141
ppa012086m	nedd8-conjugating enzyme ubc12	0,859352
ppa021045m	mterf-like protein	-0,783402
ppa014150m	NA	-1,22288

ppa013368m	cytochrome b6f complex subunit	-1,40949
NA	NA	-1,1167
ppa007658m	NA	1,16322
ppa009150m	NA	1,58597
ppa011991m	NA	-1,4813
NA	NA	1,96033
ppa006152m	NA	1,80897
ppa005226m	cytochrome p450	-2,34467
ppa003315m	nitrite reductase	-5,09037
ppa004581m	alpha fucosyltransferase	0,831029
ppa024164m	probable receptor-like protein kinase at1g49730-like	-1,00447
ppa014775m	serine-threonine protein plant-	-2,76271
ppa004109m	serine-threonine protein plant-	-1,3505
ppa009953m	cyclase family protein	0,74354
ppa013071m	stress enhanced protein 1	-0,976864
ppa003143m	d-3-phosphoglycerate chloroplastic-like	0,994214
ppa007736m	NA	0,907902
ppa015159m	NA	-0,869215
NA	NA	-1,12049
ppa007126m	probable protein phosphatase 2c 63-like	0,914102
ppb014153m	NA	3,47637
ppa002913m	btb poz domain-containing protein npy2-like	-1,32634
ppa011060m	NA	3,55012
ppa021040m	NA	-0,868393
ppa013284m	NA	-0,788179
ppa016992m	NA	1,87463
ppa005420m	NA	2,65959
ppa016343m.ppa020309		
.ppa022151m	protein kinase	1,74647
ppa023881m	NA	2,09388
ppa013370m	NA	1,12044
ppa000895m	receptor-like protein kinase haiku2	2,95344
ppa000631m	pentatricopeptide repeat-containing protein chloroplastic-like	-1,21594
ppa008347m	transcription factor blhlh121-like	-0,755613
ppa003698m	protein	-1,74426
ppa012801m	farnesylated protein	1,02486
ppa004849m	protein	-1,48169
ppa011293m	NA	0,802517
ppa004717m	ddb1- and cul4-associated factor 8-like	0,622568
ppa001020m	uncharacterized mscs family protein at1g78610-like	1,78742
ppa007742m.ppa021776		
m	flavonoid o-methyltransferase protein	-1,19308
ppa004000m	l-ascorbate oxidase homolog	2,85102
ppa008646m	NA	3,30523
ppa016466m.ppa024382		
m	NA	-4,17225
ppa004874m	transmembrane protein 184c-like	-0,666596
ppa007966m	protein	-1,4707
ppa007014m	protein phosphatase	1,0598
ppa001957m	monosaccharide-sensing protein 2	0,650524
ppa012997m	protein	-0,87549
ppa007505m	pantothenate kinase 4	1,30678
ppa008508m	mitochondrial transcription termination factor family protein	-0,744658
ppa009963m	s-like rnase	0,720583

ppa005627m	thioesterase family protein	1,13811
ppa011049m	NA	2,34287
ppa002865m	probably inactive leucine-rich repeat receptor-like protein kinase at5g48380-like	0,952665
ppa025145m	cdt1-like protein chloroplastic-like	-1,12152
ppa002481m	fimbrin-like protein 2-like	-1,73994
ppa002961m	haus augmin-like complex subunit	-0,862036
ppa013204m	NA	-0,699794
ppa021935m	auxin-responsive protein	-2,23391
ppa005537m	protein	0,959446
ppa012894m	fk506 binding-like protein	0,621411
ppa005313m	gtp cyclohydrolase i	-0,800423
ppa010335m	cyclin family protein	0,92411
ppa004569m	cytochrome p450	3,50047
ppa004095m	cytochrome p450	3,49829
ppa024636m	gpi transamidase component gpi16 subunit-like protein	-1,35025
ppa004497m	NA	-0,772457
ppa011364m	protein	0,791298
ppa009399m	male sterility 5 family protein	0,883764
ppa012203m	NA	-1,34384
ppa005303m	3-ketoacyl- thiolase	2,04656
ppa004070m	transcription factor pif1	-1,20374
ppa004110m	chaperonin cpn60- mitochondrial-like isoform 1	0,794871
ppa000852m	NA	-0,834344
ppa015470m	pfkb-like carbohydrate kinase family protein	-1,78526
ppa002040m	receptor-like serine threonine-protein kinase ale2-like	-0,915609
ppa025597m	enzyme of the cupin superfamily	2,28995
ppa018280m	aldo keto reductase family protein	-1,28303
ppa012196m	photosystem ii reaction center w protein	-1,22934
ppa008953m	NA	1,32228
NA	NA	-1,42577
ppa004593m	NA	1,62984
ppa023388m	rop-interactive crib motif-containing protein 1	-1,38886
ppa019275m	NA	-1,19224
ppa003011m	probable methyltransferase pmt8-like	-0,780033
ppa007700m	polysialic acid capsule expression protein	-1,23775
ppa023839m	NA	Inf
ppa010342m	NA	-0,760947
ppa020919m	NA	-1,27562
ppa000118m	centromere protein	0,678572
ppa000638m	NA	-1,07019
ppa002884m	NA	1,06267
ppa007311m	NA	1,13835
ppa009233m	uncharacterized isomerase bh0283-like	1,48214
ppa008128m	NA	3,9311
ppa013777m	glutaredoxin	-0,841723
ppa002803m	phototropic-responsive nph3 family protein	-1,06625
ppa014057m	heat shock factor-binding protein 1-like	-0,851476
ppa008798m	e3 ubiquitin-protein ligase bah1	0,844658
ppa008875m	epoxide hydrolase 2-like	1,31222
ppa003639m	probable pectinesterase pectinesterase inhibitor 41-like	3,96593
ppa002723m	NA	1,02861
ppa017879m	protein	-1,02889
ppa015700m	NA	-1,68891

ppa004056m	protein	-2,08512
ppa008545m	calcium-dependent phosphotriesterase-like protein	1,55785
NA	NA	-2,60496
ppa016669m	NA	-2,07033
ppa026228m	NA	-1,98942
ppa011378m	transmembrane protein	1,06314
ppa003704m	dnaJ heat shock n-terminal domain-containing protein	-1,80599
NA	NA	-2,82752
NA	NA	-1,3148
NA	NA	-1,64155
NA	NA	-2,52676
NA	NA	-Inf
ppa023080m	chalcone synthase	2,37957
ppa008402m	chalcone synthase	2,50917
NA	NA	-0,95757
ppa010129m	e3 ubiquitin-protein ligase rma1h1-like	1,19235
ppa002427m	NA	-0,726781
ppa002174m	probable serine threonine-protein kinase at1g54610-like	0,788181
ppa009489m	protein	-1,00025
ppa018357m	NA	Inf
ppa007166m	carrier protein mitochondrial-like	0,630073
ppa000290m	atp binding	-1,18164
NA	NA	-1,63283