

MINISTÉRIO DA EDUCAÇÃO  
UTFPR - UNIVERSIDADE TECNOLÓGICA FEDERAL DO PARANÁ  
CAMPUS CORNÉLIO PROCÓPIO  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOINFORMÁTICA

THIELY PATRICIA FABIAN DOS SANTOS

DISSERTAÇÃO DE MESTRADO EM BIOINFORMÁTICA

**ANÁLISE DO TRANSCRIPTOMA DE FLORES DE *COFFEA ARABICA*  
L. EM PLANTAS IRRIGADAS**

**CORNÉLIO PROCÓPIO**

**2023**

**THIELY PATRICIA FABIAN DOS SANTOS**

**ANÁLISE DO TRANSCRIPTOMA DE FLORES DE *COFFEA ARABICA* L. EM  
PLANTAS IRRIGADAS**

**TRANSCRIPTOME ANALYSIS OF *COFFEA ARABICA* L. FLOWERS IN  
IRRIGATED PLANTS**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Bioinformática da Universidade Tecnológica Federal do Paraná – UTFPR, como requisito parcial para obtenção do título de “Mestre em Bioinformática”.

Orientador: Prof. Dr. Luiz Filipe Protasio Pereira  
Co-orientadora: Profa. Dra. Priscila Tiemi Maeda Saito

**CORNÉLIO PROCÓPIO**

**2023**



[4.0 Internacional](https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/)

Esta licença permite remixe, adaptação e criação a partir do trabalho, mesmo para fins comerciais, desde que sejam atribuídos créditos ao(s) autor(es) e que licenciem as novas criações sob termos idênticos. Conteúdos elaborados por terceiros, citados e referenciados nesta obra não são cobertos pela licença.

08/04/2023, 13:31



**Ministério da Educação  
Universidade Tecnológica Federal do Paraná  
Campus Cornélio Procópio**



THIELY PATRICIA FABIAN DOS SANTOS

## **ANÁLISE DO TRANSCRIPTOMA DE FLORES DE COFFEA ARABICA EM PLANTAS IRRIGADAS**

Trabalho de pesquisa de mestrado apresentado como requisito para obtenção do título de Mestra Em Bioinformática da Universidade Tecnológica Federal do Paraná (UTFPR).  
Área de concentração: Bioinformática.

Data de aprovação: 12 de Dezembro de 2022

Dr. Luiz Filipe Protasio Pereira, Doutorado - Universidade Tecnológica Federal do Paraná

Dr. Andres Gatica Arias, Doutorado - Universidad de Costa Rica - Ucr

Dra. Francismar Correa Marcelino Guimaraes, Doutorado - Universidade Tecnológica Federal do Paraná

Dra. Priscila Tiemi Maeda Saito, Doutorado - Universidade Federal de São Carlos (Ufscar)

Dr. Tiago Benedito Dos Santos, Doutorado - Universidade do Oeste Paulista (Unoeste)

Documento gerado pelo Sistema Acadêmico da UTFPR a partir dos dados da Ata de Defesa em 19/12/2022.

## RESUMO

O café é um dos produtos agrícolas que tem maior importância no desenvolvimento econômico e social de países produtores tropicais. Atualmente, as mudanças climáticas e períodos de estresse hídrico, ocasionados pela seca, distribuição irregular de chuvas e altas temperaturas, vêm ocasionando perdas significativas nas propriedades cafeeiras, afetando a produtividade e a qualidade do café. A florada do cafeeiro é extremamente importante para a sua produtividade e para qualidade do grão, e é altamente sensível a alterações climáticas. Assim, objetivando uma melhor compreensão dos processos afetando o florescimento da planta, esse estudo realizou a análise de expressão gênica de flores coletadas em diferentes partes de cafeeiros sob condições irrigado e não irrigado. Os dados de transcriptoma de flores *Coffea arabica* L. foram analisados na plataforma Galaxy, que utiliza *softwares* precisos e flexíveis para as análises de bioinformática. Bibliotecas de flores em diferentes fases de desenvolvimento, em diferentes alturas da planta, e também coletadas em condições irrigadas e não irrigadas foram analisadas e comparadas para identificação de genes diferencialmente expressos. Na primeira comparação entre flores de plantas não irrigadas coletadas das três regiões das plantas: apical, medial e basal, foram identificados 92 genes diferencialmente expressos entre apical e medial, 58 genes diferencialmente expressos entre apical e basal, e 151 entre medial e basal. Na segunda comparação, flores de plantas irrigadas da região medial e apical foram comparadas com flores de plantas não irrigadas das mesmas regiões, respectivamente. Identificamos mais genes *up regulated* para as flores de plantas irrigadas, tanto na região medial (450 genes) quanto a região apical (293 genes). Na terceira e última comparação, entre as flores de plantas irrigadas e não irrigadas, as análises apresentaram 322 genes diferencialmente expressos, destes, 289 regulados positivamente para as plantas irrigadas, sendo 281 todos exclusivos, ou seja, expressos somente em plantas irrigadas. Em relação aos genes regulados positivamente em condições irrigadas, vários correspondem a genes que codificam proteínas superexpressas sob estresse hídrico, como a *stress-induced protein KIN2-like*, *nsLTPs* e *late embryogenesis abundant protein 1-like*, por exemplo. O resultado das análises identificou mais genes diferencialmente expressos nas flores de plantas irrigadas em todas as comparações. O estudo propiciou um painel de genes expressos diferencialmente, tanto em condições irrigado/não irrigado, assim como em diferentes partes da planta. Dessa forma, o conhecimento da modulação da expressão desses genes pode auxiliar em programas de melhoramento genético do cafeeiro em relação à escolha de cultivares tolerantes à deficiência hídrica.

**Palavras-chaves:** café, cafeeiro, estresse hídrico, expressão gênica, Galaxy.

## ABSTRACT

Coffee is one of the most important agricultural product for economic and social development of tropical producing countries. Nowadays, climate change has been causing periods of drought and/or irregular rain distribution associated with high temperatures. These climate changes have been generating situations of plant water stress and causing significant losses for coffee farmers, affecting productivity and coffee quality. The uniformity and floral development of the coffee tree is extremely important for its productivity and quality, and it is highly affected by environmental conditions. Thus, aiming to understand the processes affecting plant flowering, this work proposes a transcriptome analysis of flowers collected at different parts of the plant under water stress conditions: irrigated and non-irrigated. The transcriptome data from *Coffea Arabica* L. were analyzed with the Galaxy platform, which uses precise and flexible software for bioinformatics analysis. RNAseq data, from flowers collected at different stages of development, at different plant heights, and also under irrigated and non-irrigated conditions, was analyzed and compared to identify differentially expressed genes. In the first comparison between flowers of non-irrigated plants collected from the three regions of the plants: apical, medial and basal, 92 genes differentially expressed between apical and medial, 58 genes differentially expressed between apical and basal, and 151 between medial and basal were identified. In the second comparison, flowers of irrigated plants in the medial and apical region were compared with flowers of non-irrigated plants in the same region respectively. We identified more up regulated genes for the flowers of irrigated plants, both in the medial region (450 genes) and the apical region (293 genes). In the third and last comparison, between the flowers of irrigated and non-irrigated plants, the analyzes showed 322 differentially expressed genes, of which 289 were positively regulated for irrigated plants, 281 of which were exclusive, that is, expressed only in irrigated plants. Regarding the upregulated genes under irrigated conditions, several correspond to genes that encode proteins overexpressed under water stress, such as stress-induced protein K1N2-like, nsLTPs and late embryogenesis abundant protein 1-like, for example. Overall, the results of the analyzes identified more genes differentially expressed in the flowers of irrigated plants. The work provided a panel of differentially expressed genes, both under irrigated/non-irrigated conditions, as well as in different parts of the plant. In this way, the knowledge of the modulation of the expression of these genes can help in coffee genetic improvement programs in relation to the choice of cultivars tolerant to water deficit.

**Keywords:** coffee, Cafeeiro, transcriptome, gene expression, Galaxy.

## Sumário

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO .....</b>	<b>9</b>
1.1	OBJETIVOS.....	11
<b>2</b>	<b>ESTADO DA ARTE.....</b>	<b>12</b>
2.1	O CAFÉ .....	12
2.2	FLORESCIMENTO DO CAFÉ .....	13
2.3	ESTRESSE HÍDRICO .....	15
2.4	TRANSCRIPTOMA DO CAFEIEIRO.....	17
<b>3</b>	<b>MATERIAIS E MÉTODOS .....</b>	<b>22</b>
3.1	MATERIAL VEGETAL E DELINEAMENTO EXPERIMENTAL .....	22
3.2	EXTRAÇÃO DE RNAM E SEQUENCIAMENTO (RNA-SEQ) .....	23
3.3	ANÁLISES DE BIOINFORMÁTICA .....	23
<b>4</b>	<b>RESULTADOS E DISCUSSÃO .....</b>	<b>27</b>
4.1	ANÁLISE DO TRANSCRIPTOMA DE FLORES DAS REGIÕES APICAIS, MEDIAIS E BASAIS DO CAFEIEIRO.....	27
4.2	ANÁLISE DAS REGIÕES DA PLANTA MEDIAL E APICAL NAS CONDIÇÕES DE SECA E IRRIGADA.....	33
4.3	ANÁLISE DO TRANSCRIPTOMA DE FLORES IRRIGADAS E NÃO IRRIGADAS .....	36
4.3.1	MONTAGEM DOS TRANSCRITOS DAS BIBLIOTECAS DE FLORES DE PLANTAS IRRIGADAS E NÃO IRRIGADAS .....	37

4.3.2	CARACTERIZAÇÃO FUNCIONAL DOS GENES.....	38
4.3.3	IDENTIFICAÇÃO DOS GENES DIFERENCIALMENTE EXPRESSOS .....	41
<b>5</b>	<b>CONSIDERAÇÕES FINAIS .....</b>	<b>46</b>
<b>6</b>	<b>REFERENCIAL TEÓRICO .....</b>	<b>47</b>

## LISTA DE FIGURAS

Figura 1 - Representação do ciclo vegetativo e reprodutivo da planta do café.....	14
Figura 2 - Regiões da planta onde foram coletadas as flores .....	22
Figura 3 - Estágio das flores coletadas .....	23
Figura 4 - Etapas de análise dos dados de RNAseq.....	24
Figura 5 - Diagrama de Venn apresentando os genes <i>up regulated</i> . Comparações realizadas entre as flores coletadas na Região Apical (A), Basal (B) e Medial (M).....	30
Figura 6 - Diagrama de Venn apresentando os genes <i>down regulated</i> . Comparações realizadas entre as flores coletadas na Região Apical (A), Basal (B) e Medial (M).....	30
Figura 7 - Diagrama de Venn representando a relação entre as bibliotecas apical e medial...	35
Figura 8 – Distribuição dos <i>contigs</i> em relação ao seu tamanho.....	38
Figura 9 - Termos GO de todos os transcritos das bibliotecas de flores irrigadas e não irrigadas .....	38
Figura 10 - Os termos GO mais abundantes para cada categoria de todos os transcritos.....	39
Figura 11 - Termos GO mais abundantes para cada categoria dos genes diferencialmente expressos das bibliotecas de flores irrigadas. ....	40
Figura 12 - Termos GO mais abundantes para cada categoria dos genes diferencialmente expressos das bibliotecas de flores não irrigadas. ....	41
Figura 13 - <i>Vulcano plot</i> representando a dispersão de dados das bibliotecas de flores irrigadas (medial e apical) e das bibliotecas de flores não irrigadas (medial e apical) .....	42
Figura 14 – Diagrama de Venn apresentando genes em comum e exclusivos entre as bibliotecas de flores irrigadas e não irrigadas.....	43
Figura 15 - Proteínas relacionadas aos dez genes mais expressos na condição de seca.....	44
Figura 16 - Proteínas relacionadas aos dez genes mais expressos na condição irrigada.....	44



## LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Estudos relacionados à expressão gênica da espécie <i>Coffea arabica</i> L.....	19
Tabela 2 - Informações sobre as análises realizadas apresentando as regiões de coleta e condições das flores.....	24
Tabela 3 - Informações do alinhamento realizado nas bibliotecas não irrigadas da região apical, medial e basal.....	27
Tabela 4 - Resultado da análise em pares da expressão gênica das bibliotecas de flores não irrigadas da região apical, medial e basal. ....	28
Tabela 5 - Três genes mais expressos na comparação de flores da região apical com a região basal.....	31
Tabela 6 - Três genes mais expressos na comparação de flores da região apical com a região medial.....	31
Tabela 7 - Três genes mais expressos na comparação de flores da região medial com a região basal.....	32
Tabela 8 - Informações do alinhamento realizado nas bibliotecas da região apical irrigada e não irrigada e da região medial irrigada e não irrigada. ....	34
Tabela 9 - Resultados da expressão gênica, utilizando FDR 0,05 ( <i>default</i> ), 0,1 e 0,5 da comparação de flores da região apical que tiveram irrigação com flores da região apical que não tiveram irrigação e flores da região medial que tiveram irrigação com flores da região medial que não tiveram irrigação.....	36
Tabela 10 - Resultado do alinhamento das bibliotecas contra o genoma de referência.....	37
Tabela 11 - Resultado da análise de expressão gênica das flores de plantas irrigadas comparadas com as flores de plantas não irrigadas.....	43

## 1 INTRODUÇÃO

O café é um dos produtos agrícolas com importância crucial no desenvolvimento econômico e social de países tropicais (MUÑOZ et al., 2021). De acordo com os dados da Associação Brasileira da Indústria de Café (ABIC, 2021), é a segunda bebida mais consumida no mundo, sendo apreciada devido ao seu aroma, sabor único e propriedades estimulantes (ARAÚJO, 2021).

*Coffea arabica* L. é a espécie mais consumida, pois as suas propriedades organolépticas têm uma maior aceitação no mercado (MIRANDA, 2019). Ela é originária dos altiplanos da Etiópia, em que a temperatura do ar oscila entre 18°C e 21°C e as chuvas anuais variam de 1.500 mm a 1.800 mm, sendo bem distribuídas, com um período de seca de 4 a 5 meses do ano (MEIRELES et al., 2005). No Brasil, o café, encontra condições tropicais de cultivo que vem apresentando alterações devido as mudanças climáticas, o que pode afetar negativamente o crescimento vegetativo e o desenvolvimento dos frutos (PEREIRA, CAMARGO E CAMARGO, 2008).

Nos cafeeiros a seca é um fator limitante que afeta o desenvolvimento dos grãos e a produção de frutos, limita o crescimento da planta, reduzindo a área foliar, a assimilação líquida do CO<sub>2</sub>, dificultando a fotossíntese, diminuindo a produtividade e a longevidade do cafeeiro (MOFATTO et al., 2016). Assim como a modificação da composição bioquímica dos grãos causada pela variação acentuada na precipitação (SILVA et al., 2005).

Nos últimos anos as mudanças climáticas e períodos de estresse hídrico, ocasionados pela seca, distribuição irregular de chuvas e altas temperaturas, vêm ocasionando perdas significativas nas propriedades cafeeiras (CUSTÓDIO, 2014). As variações de clima ocorridas entre os anos de 2014 e 2020, causaram um impacto negativo nas plantações de café o que resultou em uma redução na safra, uma perda média desses anos de aproximadamente 30% (CONAB, 2021).

Apesar de algumas regiões do Brasil serem mais favorecidas para a plantação devido às condições climáticas, (BARBOSA, 2019), a irrigação de cafezais possibilita a produção em regiões que normalmente sofrem com o déficit hídrico, como por exemplo nos cerrados brasileiros, com a vantagem de um maior controle da etapa de florescimento (COELHO et al., 2015).

A planta quando passa por um longo período de seca e depois recebe irrigação, pode alterar algumas reações biofísicas ou bioquímicas, favorecendo a abertura das gemas, onde ocorre inicialmente a formação das flores, produzindo uma florada única e uniforme (SILVA et al., 2000). Mas, caso ocorra uma interrupção neste período de seca, ocorrendo chuvas esporádicas, está induzirá a florações de intensidade variável (RAMÍREZ, 2011). Dentre os fatores que causam irregularidade no florescimento, o estado hídrico afeta diretamente em sua formação (SANTOS, 2016). A floração desuniforme causa conseqüentemente a maturação desigual dos frutos afetando de maneira considerável a produtividade e a qualidade final da bebida (BARRETO et al., 2011).

Um dos objetivos da transcriptômica é analisar os genes diferencialmente expressos de modo comparativo em diferentes condições experimentais (SONESON, 2013), possibilitando a quantificação dos níveis de expressão (FAGUNDES; CAGLIARI, 2019). Técnicas de RNA-seq permitem sequenciar com precisão o conjunto de transcritos de um organismo observado em uma determinada condição e juntamente com a bioinformática possibilitam identificar, anotar e caracterizar genes de interesse (WANG et al., 2009).

Em 2005, iniciou-se o projeto Galaxy, usado por milhares de cientistas para análises de dados. A plataforma simplifica a execução de algumas análises de bioinformática, permite criar, executar e compartilhar as análises computacionais, pois agrega as ferramentas necessárias em sua interface da web (BATUT et al., 2021). As ferramentas disponíveis permitem a identificação de genes presentes em um genoma de referência e a caracterização do perfil de expressão desses genes em diferentes amostras e/ou condições experimentais (ZERLOTINI; CINTRA, 2016). Estas informações podem contribuir para aumentar o conhecimento sobre a variação fenotípica da espécie (COSTA-SILVA et al., 2017). A plataforma permite a utilização de softwares precisos e flexíveis, com análises de forma rápida e eficiente, sendo muito utilizado em experimentos de RNA-seq, onde os dados gerados são grandes e complexos (PERTEA et al., 2016). Permite que toda a execução dos dados se encontre armazenados para posterior revisão e publicação (ZERLOTINI; CINTRA, 2016).

A maioria dos trabalhos de transcriptoma de cafeeiros, utilizaram frutos, folhas e raízes, (MOFFATO et al., 2016; YUYAMA et al., 2016; IVAMOTO et al., 2017; DOS SANTOS et al., 2019). Até o presente momento nenhum estudo foi

publicado com o objetivo de analisar o transcriptoma do desenvolvimento de flores de cafeeiros.

Esse estudo teve como objetivo a análise do transcriptoma de flores de cafeeiros irrigados e não irrigados, visando identificar os genes diferencialmente expressos envolvidos no mecanismo da planta de resposta ao estresse hídrico, para serem aplicados em estudos de melhoramento genético, contribuindo para o aumento da produtividade do café assim como sua qualidade, agregando valor ao produto final.

## 1.1 OBJETIVOS

Comparar a expressão de genes relacionados ao florescimento do *C. arabica* L. em diferentes condições de estresse hídrico por meio de análises de RNA-seq. Caracterizar os dados de transcriptoma gerados e os grupos de genes *up regulated* e *down regulated* entre as diferentes bibliotecas.

Classificar os genes diferencialmente expressos de acordo com os termos de *Gene Ontology*.

Comparar os genes mais expressos entre as diferentes localizações de coleta da planta (apical, medial e basal) e estresses hídrico (seco e irrigado), e destacar genes que controlam características de interesse agrônomico.

## 2 ESTADO DA ARTE

### 2.1 O café

Entre as várias lendas que explicam a descoberta do café, a do pastor chamado Kaldi que vivia na Absínia, hoje Etiópia, é a mais aceita. De acordo com a lenda, o pastor observou suas cabras se alimentando de frutos e folhas de um arbusto e notou uma mudança de comportamento, ficavam mais alegres e agitadas. Depois de experimentar o fruto em forma de infusão percebeu que o ajudava a resistir ao sono. A história se espalhou e muitos quiseram experimentar o fruto (ABIC, 2021).

O nome café originário da palavra árabe “qahwa”, significa vinho. Os árabes dominaram a técnica de plantio e preparação do café. Em 575 d.c. a infusão do café fervido em água era usada para fins medicinais e posteriormente como bebida excitante para ajudar os monges nas rezas e vigílias noturnas (NEVES, 1974).

Em 1727, o café chegou no norte do Brasil. Nessa época o café possuía grande valor comercial, e devido as condições climáticas no Brasil, o cultivo se espalhou rapidamente, contribuindo, no século XIX, com o crescimento da economia do país graças ao capital acumulado com as exportações do produto (TAUNAY, 1939).

A cafeicultura foi se modernizando, tornando-se uma atividade totalmente tecnificada e mecanizada, surgindo, além da cafeicultura familiar, cafeicultura empresarial com altas produtividades e qualidade do produto final (MATIELLO, 2015). O aroma, corpo, acidez e doçura são peculiaridades do café que dependem do local e das particularidades de relevo de onde é produzido, e por conta da dimensão territorial do Brasil, é comum um mesmo estado ter diferentes tipos de café (CECAFÉ, 2018).

Pertencente à família Rubiaceae e ao gênero *Coffea*, com mais de 120 espécies, *C. arabica* L. é a espécie mais consumida pois as suas propriedades organolépticas têm uma maior aceitação no mercado (MIRANDA, 2019), tendo, portanto, maior importância econômica (DAVIS et al., 2011). *C. arabica* L. é a única espécie alotetraplóide e autógama do gênero (YUYAMA et al., 2014). Composta por 44

cromossomos ( $2n=44$ ), resultado de uma hibridização natural de duas espécies diploides ( $2n=22$ ), *C. canephora* e *C. eugenioides* (MONDEGO et al., 2011). Aproximadamente 60% da produção mundial corresponde a *C. arabica* L. e 40% a *C. canephora* (ICO, 2020).

O genoma completo do cultivar Caturra pertencente a *C. arabica* L., está disponível na plataforma do *National Center for Biotechnology Information* (NCBI, 2021). Sequenciado pelas tecnologias Illumina HiSeq; PacBio RSII e 10x GemCode. pela equipe da Universidade John Hopkins, o genoma tem 1.094.446.607 bases, em um total de 3.523 contigs (NCBI, 2021).

Além do genoma do cafeeiro Caturra a *World Coffee Research*, organização sem fins lucrativos de pesquisa e desenvolvimento da indústria global do café, disponibilizou a sequência do genoma de *C. arabica* L. em seu website (<https://worldcoffeeresearch.org/>), deixando totalmente disponível ao público. O tamanho do genoma foi estimado em 1,3 Gb, com base em uma análise de k-mers. A sequência contém 1,51 bilhões de pares de bases, divididos em 164.254 sequências *scaffold*. 78.311 genes foram previstos e funcionalmente anotados em *C. arabica* L. (WORD COFFEA, 2021).

## 2.2 Florescimento do café

O cafeeiro apresenta um ciclo fenológico bem definido: florescimento na primavera, frutificação no verão, maturação no outono e colheita no inverno (MEIRELES, 2009). As mudanças climáticas, principalmente temperatura e seca, pode afetar cada etapa do ciclo fenológico da planta (DE OLIVEIRA, 2020). O desenvolvimento do cafeeiro envolve etapas como o ciclo bianual e o florescimento sequencial (CARDON, 2016), representados na Figura 1. As temperaturas ideais nessa fase são 23°C durante o dia e 17°C durante a noite, podendo causar abortamento das flores se expostas em temperaturas mais altas (ALCANTARA, 2012). As fases da vegetação e frutificação do cafeeiro ocorrem aproximadamente em dois anos. No primeiro ano acontece o período vegetativo, tendo uma pausa de dois meses antes de começar o período reprodutivo (CARVALHO, 2016).

A floração nas plantas de café envolve eventos fisiológicos e morfológicos, iniciando-se pela fase da indução floral até a antese, prosseguindo pelas fases de diferenciação ou iniciação dos primórdios florais e finalizando com a fase do desenvolvimento da flor (FERRÃO et al., 2010). Cada uma dessas etapas acabam sofrendo influências pelas condições ambientais, como a radiação, temperaturas e disponibilidade de água (QUEIROGA et al., 2021). O desenvolvimento reprodutivo começa com a iniciação floral e termina com a queda dos frutos (MORAIS, 2008).

**Figura 1.** Representação do ciclo vegetativo e reprodutivo da planta do café.

1º Ano fenológico										2º Ano fenológico																													
1ª Fase					2ª Fase					3ª Fase					4ª Fase					5ª Fase					6ª Fase														
Vegetação e formação das gemas foliares										Indução e maturação das gemas florais										Florada					Granação dos frutos					Maturação dos frutos					Repouso e senescência dos ramos 3º e 4º				
Seca neste período: afeta gemas e produção do ano seguinte										Folhas pequenas					Seca neste período: acarreta em peneiras baixas.					Seca neste período acarreta em chochamento																			
Set	Out	Nov	Dez	Jan	Fev	Mar	Abr	Mai	Jun	Jul	Ago	Set	Out	Nov	Dez	Jan	Fev	Mar	Abr	Mai	Jun	Jul	Ago	Set	Out	Nov	Dez	Jan	Fev	Mar	Abr	Mai	Jun	Jul	Ago	Set	Out	Nov	Dez
Período vegetativo										Repouso					Período reprodutivo										Autopoda														

**Fonte:** MEIRELES et al. (2009).

Antes da florada principal, os primórdios florais se desenvolvem por um período de dois meses, atingindo um tamanho de 4 a 6 mm, e entram num estado de repouso (dormência) de julho a agosto (QUEIROGA et al., 2021). A florada principal acontece durante a primavera em que ocorre um aumento do potencial hídrico após um período de restrição hídrica na fase de repouso, contribuindo para uma floração uniforme (MEIRELES, 2009). Essa restrição hídrica, em níveis moderados é uma condição necessária para o florescimento uniforme, que permite posteriormente uma maturação uniforme dos frutos.

Caso o déficit hídrico permanecer por um longo período, associado a temperaturas altas, pode ocorrer o abortamento das flores, chamadas de “estrelinhas”, uma anomalia em que a estrutura floral não se desenvolve normalmente, o que impede a formação dos frutos. Por outro lado, se houver um grande período de chuva intensa e continuada os botões florais permanecem em repouso por mais tempo, atrasando a abertura das flores, ou por muitas vezes, caindo antes de abrir (OLIVEIRA et al., 2018).

Em uma mesma região as plantas florescem ao mesmo tempo, porém o número de floradas pode ser variável (AVELAR, 2018). O volume e a uniformidade da florada é extremamente decisivo para a produtividade, já que ela dá origem ao fruto e conseqüentemente ao grão (FANTIM, 2018). Se houver uma maturação desuniforme nos frutos é prejudicada a eficiência da colheita e a qualidade do café (MORAIS, 2008).

Em condições de plantio irrigado, para garantir uma uniformização da floração e aumentar os benefícios em relação à bebida, pode-se utilizar manejo de irrigação, provocando uma florada uniforme que resulta numa maturação mais homogênea do fruto (GUERRA et al., 2005). Uma maior uniformidade tanto do florescimento como da maturação dos frutos resulta em produções economicamente viáveis (NASCIMENTO, 2006), pois um florescimento desuniforme provoca dificuldades na colheita, controle de doenças e redução na qualidade (AVELAR, 2018).

Fatores internos como balanço hormonal e idade da planta, como os fatores externos, temperatura, radiação e recursos hídricos afetam o florescimento (FANTIM, 2018). O ambiente influencia a expressão e atividade de certos genes que, por sua vez, regulam o florescimento na tentativa de garantir a melhor época para reprodução (CARDON, 2016).

### **2.3 Estresse hídrico**

A agricultura apresenta uma dependência das condições ambientais. Situações adversas do clima como aumento de temperatura e diminuição da precipitação podem ocasionar um déficit hídrico, afetando a planta e impactando em seu crescimento, desenvolvimento, interação com fitopatógenos e produtividade (SHARMA, et al.,2020). A elevação da temperatura está relacionada principalmente ao aquecimento global, conseqüentemente afetando o ciclo da água, diminuindo a ocorrência de chuvas (GOMES et al., 2019). As plantas que se desenvolvem em ambientes com déficit hídrico sofrem alterações de níveis fisiológicos, bioquímicos e moleculares, assim como modificações na expressão gênica (SHARMA, et al.,2020).



À medida que o solo seca, diminuindo a disponibilidade de água, torna-se mais difícil a sua absorção, acelerando a senescência e a perda foliar (SANTOS, 1998). Peloso et al. (2017), concluíram que o crescimento vegetativo das plantas foi reduzindo a medida que diminuía a disponibilidade hídrica. No entanto, foi relatado que o sistema radicular cresce em profundidade como mecanismo de defesa.

O cafeeiro é uma planta com altas exigências nutricionais e climáticas e necessita de um bom manejo para atingir uma boa produção (CARDON, 2016). Fatores climáticos que provocam o excesso ou déficit hídrico influenciam no sistema água-solo-planta, interferindo diretamente no crescimento e frutificação do cafeeiro, conseqüentemente, afeta a qualidade do café produzido (THOMAZ et al., 2012). Para o cafeeiro os períodos críticos de deficiência hídrica são os de floração e frutificação, até, aproximadamente, a décima oitava semana após a floração, quando estas limitações hídricas podem comprometer a produtividade. Se a estação seca se mostra mais longa ou atrasada, na fase de florescimento, é provocado o abortamento das flores, também chamadas de “estrelinhas”, resultando em uma quebra de produção (MEIRELES et al., 2009).

No Brasil, a região do Cerrado apresenta características semelhantes a região de origem do café arábica, o Sudoeste da Etiópia, com períodos de seca prolongado e bem definido. No entanto, por apresentar calor intenso e grande estiagem, é necessário a irrigação para garantir sucesso na produção (Rocha et al., 2007). No florescimento, etapa em que a planta exige uma maior irrigação, uma condição hídrica favorável para produção de café pode ser encontrada em regiões onde a precipitação é acima de 150 mm neste período (THOMAZ et al., 2012).

As formas de diminuir o impacto do déficit hídrico são as técnicas de manejo. Práticas de irrigação ou conservação de umidade do solo podem amenizar os danos. A irrigação beneficia os períodos de floração e frutificação que mais sofrem com o estresse hídrico, aumentando a produtividade das plantas em relação ao sequeiro (TOSSANI et al., 2019).

As temperaturas favoráveis para o cultivo estão entre 10°C a 27°C. Temperaturas acima de 33°C podem ser excessivamente prejudiciais em épocas de florada, podendo ocorrer o abortamento das flores. Por outro lado, altas temperaturas e

pouca umidade em período de colheita evitam a fermentação do grão beneficiando a qualidade do café (CARVALHO, 2019).

## 2.4 Transcriptoma do cafeeiro

Os estudos de transcriptoma revelam a expressão de diversos genes na célula em uma condição biológica específica (FLOREZ, 2015). Possibilita interpretar os elementos funcionais do genoma, além de apresentar os constituintes moleculares das células e tecidos (WANG et al., 2010). Em plantas, esses estudos são importantes para a identificação dos genes relacionados com os mecanismos de defesa, resistência da planta e produtividade em situações de estresse hídrico (FLOREZ, 2015).

A metodologia mais utilizada para identificar os transcritos em espécies de planta não modelo é a de sequenciamento em larga escala de RNA-seq (DE BRITO, 2019). Porém não existe um pipeline ideal de RNA-seq para realizar os estudos, a escolha do método dependerá do organismo a ser estudado assim como seus objetivos, (CONESA et al., 2016).

O RNA-seq são sequências curtas, em torno de 30 a 75 nucleotídeos, que foram geradas através da conversão do RNA em uma biblioteca de cDNA que receberam adaptadores (bases de DNA) (HRDLICKOVA et al., 2017). Em seguida, esses *reads* curtos são alinhados a um genoma de referência e logo após utilizados para montar os transcritos (DE BRITO, 2019).

Em trabalhos realizados com dados de transcriptomas de *C. arabica* L. foi possível identificar algumas alterações de expressão gênica em resposta às mudanças climáticas. Souza et al. (2015), analisaram a expressão diferencial dos genes NIA2 (*Nitrate Reductase* [NADH] 2), GLN1.3 (*Glutamine Synthetase Cytosolic Isozyme* 1.3) e GLT1 (*Glutamate Synthase 1* [NADH]) relacionados ao metabolismo de nitrogênio em cafeeiros, visto que as mudanças climáticas alteram o ciclo de assimilação do nitrogênio na cultura de café. Relataram o aumento de expressão dos genes em questão nas plantas submetidas ao déficit hídrico.

Uma das estratégias para aumento da tolerância ao estresse hídrico, é a regulação de alguns genes, como *CaGols3* para *galactinol synthase*. Essa enzima está envolvida na biossíntese dos oligossacarídeos da família da rafinose (RFOs) que funcionam como osmoprotetores, contribuindo para a eficiência da fotossíntese em progênies tolerantes à seca (SANTOS et al., 2011).

Um estudo similar foi realizado por Torres et al. (2019), identificando genes diferencialmente expressos em *C. arabica* L. em situações de seca, assim como para outros estresses abióticos. Torres e colaboradores enfatizaram também a expressão do gene *CaGols3*, que torna a planta menos suscetível ao estresse abiótico. Destacaram também o gene que codifica a desidrina, uma proteína hidrofílica, sendo o de maior expressão nas folhas, auxiliando a planta a suportar condições ambientais adversas, principalmente à seca e ao frio.

Mofatto et al. (2016) realizaram um estudo com cultivares do *C. arabica* L., IAPAR59 (tolerante à seca) e Rubi (suscetível à seca). Em situação de seca foi identificado mais genes diferencialmente expressos regulados positivamente no IAPAR59. Dando destaque para a alta expressão de *CaSDC1*, que codifica uma proteína com atividade enzimática envolvida na tolerância ao estresse. Os autores ressaltaram que essa diferença de expressão entre as duas espécies na mesma condição, situação de seca, pode estar relacionada a cutícula mais espessa observada na superfície foliar do IAPAR59, ausente em Rubi.

Em outros órgãos de cafeeiros também foi observado a expressão diferencial gênica. A raiz apresentou um aumento da expressão do gene *CaACSI* quando cultivados sob estresse hídrico intenso, relatou Avelar (2018).

Poucos são os estudos de expressão gênica relacionadas às flores, submetidas a déficit hídrico. Avelar (2018) realizou um trabalho analisando o florescimento do cafeeiro em resposta à reidratação após um período de seca, testou a hipótese de que a reidratação provoca um aumento na produção de etileno na parte aérea promovendo o florescimento e que o déficit hídrico afeta o desenvolvimento do sistema vascular em folhas do cafeeiro. Em outro mais recente, Santos et al. (2019), mencionou também o aumento do etileno em plantas que passaram por estresse hídrico assim como o aumento da taxa de genes que codificam as enzimas sintase e oxidase do Ácido 1-aminociclopropano-1-carboxílico.

Todas as análises de genes diferencialmente expressos citadas anteriormente foram realizadas através da tecnologia de sequenciamento de RNA (RNA-seq). A técnica segundo Fagundes; Cagliari (2019), possibilita explicar através da análise do transcriptoma da planta, os efeitos biológicos causados por alterações ambientais.

A bioinformática, através de uma infinidade de dados, executa e interpreta as análises de RNA-seq por meio de ferramentas computacionais. Ferreira (2017) ressaltou a importância da bioinformática no melhoramento vegetal, identificando genes que podem ser modificados por meio de engenharia genética, resultando em um fenótipo superior. Trabalhos anteriores (DE BRITO, 2019; IVAMOTO, 2017; ESCOBAR et al., 2019), envolvendo análise diferencial de expressão gênica utilizaram ferramentas de bioinformática, para facilitar e acelerar o processamento da grande quantidade de dados biológicos disponíveis. A Tabela 1, apresenta alguns trabalhos da literatura, seus objetivos e contextos, com abordagens de expressões gênicas, contribuindo para o presente trabalho.

A maioria dos estudos de transcriptoma de cafeeiros não incluíram tecidos florais ocasionando uma lacuna na compreensão dos genes expressos nesses tecidos. Devido à importância cada vez maior da compreensão da influência de regimes hídricos no florescimento de cafeeiros, este trabalho irá analisar o transcriptoma de flores de cafeeiros coletadas em diferentes partes da planta com ou sem irrigação, a fim de identificar genes envolvidos nas condições de estresse hídrico.

**Tabela 1.** Estudos relacionados à expressão gênica da espécie *Coffea arabica* L.

<b>Título</b>	<b>Autores/ ano</b>	<b>Objetivo</b>	<b>Contexto</b>
Expressão de genes relacionados ao metabolismo do nitrogênio em mudas de café arábica submetidas a déficit hídrico	Souza et al. 2015	Avaliar a influência do déficit hídrico na expressão diferencial de genes relacionados ao metabolismo de nitrogênio.	Estudos realizados em RNA de folhas. Onde os três genes, <i>NIA2</i> , <i>GLN1.3</i> e <i>GLT1</i> envolvidos na assimilação do nitrogênio, tiveram uma maior expressão quando as plantas foram submetidas ao estresse hídrico, indicando que em condições de déficit hídrico o ciclo de

---

			assimilação do nitrogênio em café, é rapidamente modulado.
Influência do Etileno na regulação do florescimento de <i>Coffea arabica</i> L.	Santos, I. S. 2016	Entender o envolvimento do Etileno na regulação do florescimento. Analisando em folhas e gemas do cafeeiro, o aumento de expressão diferencial dos genes precursores do etileno.	Alterações no balanço hormonal foram observadas após ciclos de restrição hídrica e reidratação, e essa oscilação sobre o status hídrico da planta promoveu o aumento nos níveis de etileno em algumas espécies. Com o intuito de ter um florescimento uniforme, o autor aplicou no cafeeiro um inibidor (1-MCP) da ação do etileno em épocas de chuvas de baixa intensidade ou fora da época correta da florada, visto que o etileno atua como um indutor da abertura floral. Entretanto, o florescimento ocorreu somente nas plantas tratadas com 1-MCP, na ausência de chuva e irrigação.
Análises da expressão dos genes APX e CaPYL8A em progênies de <i>Coffea arabica</i> submetidas ao déficit hídrico <sup>1</sup>	Santos, J.O. 2019	Avaliar a expressão de genes APX e CaPYL8a em genótipos de <i>Coffea arabica</i> submetidos ao déficit hídrico em condições de campo.	Genótipos de <i>Coffea arabica</i> foram avaliados em situação de sequeiro e irrigado, para analisar os genes APX e CaPYL8a. A APX, uma enzima envolvida na detoxificação de peróxido de hidrogênio com função de proteger as células sob condições estressantes, teve maior expressão na condição irrigada. Já o gene CaPYL8a, apresentaram um padrão de expressão divergente entre os genótipos.
Expressão de três isoformas de galactinol sintase em plantas de <i>Coffea arabica</i> L. submetidas a estresses	Santos, T. B. 2008	O autor analisou a expressão transcricional do gene <i>CaGols</i> , oligossacarídeos da família da rafinose (RFO), em suas diferentes formas.	As três isoformas - <i>CaGols1</i> , <i>CaGols2</i> e <i>CaGols3</i> foram mais expressas no tecido foliar durante a submissão dos diferentes estresses abióticos. Sendo possível a confirmação de que a rafinose e estaquiose devem estar atuando na osmoproteção de <i>C.</i>

---

abióticos		Genes que estão envolvidos diretamente na resposta das plantas a diferentes tipos de estresse.	<i>arabica</i> durante os estresses abióticos.
Expression of the CcDREB1D promoter in <i>Coffea arabica</i> : functional genomics and transcriptome analysis	Torres, L. F. 2017	Identificou genes diferencialmente expressos em <i>C. arabica</i> em situações de seca, assim como para outros estresses abióticos.	O trabalho destacou a alta expressão do gene <i>CaGolS3</i> , que torna a planta menos suscetível ao estresse abiótico. Assim como a maior expressão em folhas do gene que codifica desidrina, uma proteína que suporta diversas condições ambientais.
Identification of candidate genes for drought tolerance in coffee by high-throughput sequencing in the shoot apex of different <i>Coffea arabica</i> cultivars	Mofatto, L. S. 2016	Foi comparada as respostas moleculares à seca em duas cultivares comerciais (IAPAR59, tolerante à seca e Rubi, suscetível à seca) de <i>Coffea arabica</i> cultivadas em campo sob condições de controle (irrigação) e seca, utilizando o RNA retirado dos ápices caulinares.	Em situação de seca foi identificado mais genes diferencialmente expressos regulados positivamente no IAPAR59. Destacando a expressão de genes da proteína de transferência de lipídios (nsLTP) que também foi altamente regulada sob condições de seca em IAPAR59, o que pode estar relacionada a cutícula mais espessa observada na superfície foliar do IAPAR59, ausente em Rubi.
Regulação do etileno em cafeeiros cultivados sob diferentes níveis de déficit hídrico	Avelar, R. P. 2018	O autor testou a hipótese de que a reidratação provoca um aumento na produção de etileno na parte aérea e que o déficit hídrico afeta o desenvolvimento do sistema vascular em folhas do cafeeiro.	As análises mostraram que plantas sob déficit hídrico apresentam uma redução na produção de etileno na parte aérea da planta e aumentam o transporte do precursor do etileno (ACC) da raiz para a parte aérea via sistema vascular.

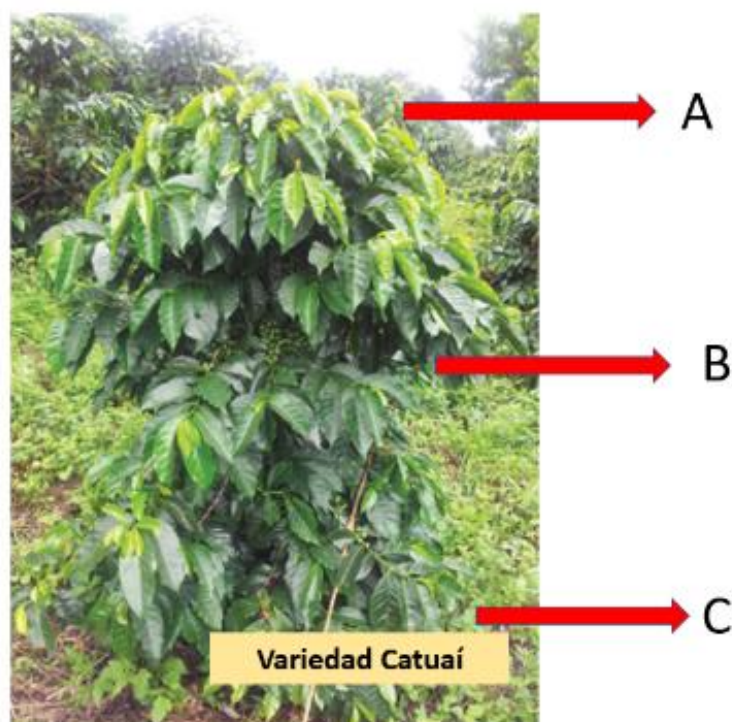
### 3 MATERIAIS E MÉTODOS

#### 3.1 Material vegetal e delineamento experimental

O material genético utilizado para as análises é da espécie *C. arabica* L., cultivar Catuaí Vermelho, proveniente das plantações situadas no Instituto Costarriquenho do Café (Icafe) em São Pedro de Barva de Heredia, na Costa Rica (Latitude: 10.02292300 e longitude: -84.12561800). O plantio e a coleta dos materiais vegetais para o sequenciamento dos RNAm foram realizados pelo Icafé.

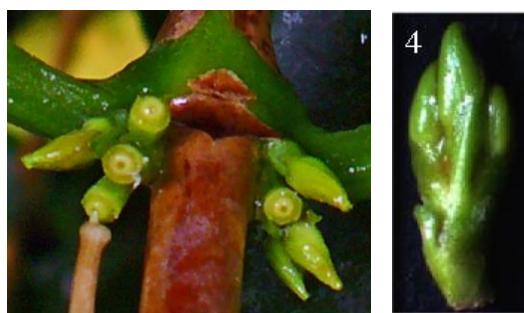
Na primeira amostragem foram coletadas as flores de 30 plantas, sendo 15 plantas sem irrigação + 15 plantas com uma irrigação. Na segunda amostragem foram coletadas as flores de outras 30 plantas, sendo 15 plantas sem irrigação + 15 plantas com uma segunda irrigação. As flores foram coletadas de três regiões da planta: apical, medial e basal (Figura 2). As flores apresentavam estágios I e II. Nas análises foram utilizadas somente flores no estágio I, representada na Figura 3.

**Figura 2.** Regiões da planta onde foram coletadas as flores.



A- Apical B- Medial C- Basal.

**Figura 3.** Estágio das flores coletadas.



Todas as flores coletadas foram colocadas em envelopes de alumínio imediatamente congeladas em nitrogênio líquido e armazenadas em ultrafreezer a -80°C para evitar a degradação do RNA.

### 3.2 Extração de RNAm e sequenciamento (RNA-seq)

A extração de RNA total foi realizada pelo método do trizol – clorofórmio. As amostras foram quantificadas por meio de espectrofotometria (Nanodrop) e fluorometria (QBit). Para analisar a qualidade do RNAm isolado foi executado um gel desnaturante (formaldeído) com tampão MOPS. Os fragmentos de RNA foram convertidos em cDNA e ligadas a adaptadores em ambas as extremidades. Cada molécula de cDNA foi amplificada para ser, então, sequenciada em duas extremidades (*paired-end*). Foi utilizado o método de sequenciamento Illumina, posteriormente, foi realizado o controle de qualidade das sequências com o software FastQC.

### 3.3 Análises de Bioinformática

As análises comparativas entre os tratamentos foram realizadas em pares, como mostra a Tabela 2. A primeira análise: Apical e Basal, Apical e Medial, Basal e Medial, Basal e Apical, Medial e Apical, Medial e Basal, sendo todas de plantas não irrigadas. A segunda análise: bibliotecas de flores de plantas irrigadas da região apical e medial que foram agrupadas e bibliotecas de flores de plantas não irrigadas da região medial e apical que também foram agrupadas. Na terceira análise: Flores da região apical que não receberam irrigação e flores da região apical irrigadas (três repetições



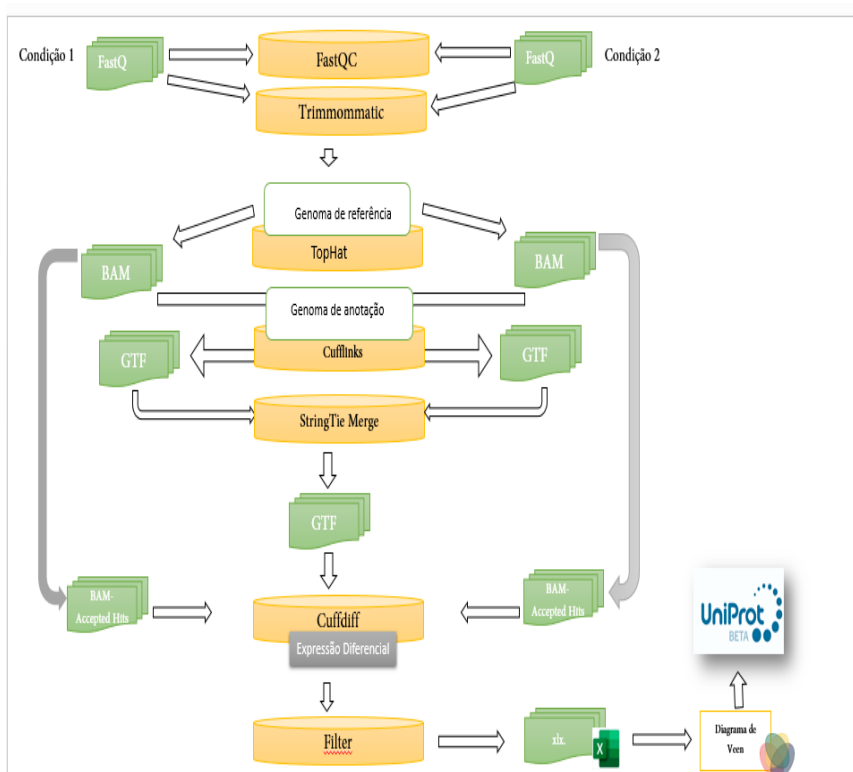
agrupadas), e simultaneamente a comparação entre flores da região medial não irrigadas e flores de plantas irrigadas da região medial (três repetições agrupadas).

**Tabela 2.** Informações sobre as análises realizadas apresentando as regiões de coleta e condições das flores.

Análises	
Análise 1	Flores Basal (não irrigada) x Flores Apical (não irrigada) Flores Basal (não irrigada) x Flores Medial (não irrigada) Flores Medial (não irrigada) x Flores Apical (não irrigada)
Análise 2	Flores irrigadas Apical x Flores não irrigadas Apical Flores irrigadas Medial x Flores não irrigadas Medial
Análise 3	Flores irrigadas (Apical x Medial) x Flores não irrigadas (Apical x Medial)

A Figura 4, apresenta o *pipeline* das análises realizadas, ilustrando cada etapa da metodologia.

**Figura 4.** Etapas de análise dos dados de RNA-seq.



Os dados foram analisados na plataforma *Galaxy* (<https://usegalaxy.org/>). As bibliotecas de entrada no formato Fastq foram submetidas a uma verificação de qualidade das sequências e a um cálculo das contagens de leitura, realizadas pelo *software* FastQC. Em seguida, uma trimagem (limpeza) com o *software* Trimmomatic (BOLGER et al., 2014) foi realizada para remover os adaptadores.

Para alinhamento das sequências foi usado o *software* TopHat (KIM et al., 2013), onde as sequências de cada amostra são mapeadas no genoma de referência de *C. arabica* L., (NCBI, 2070241), em formato fasta. Os arquivos de saída são arquivos no formato BAM (*Binary Alignment Map*).

Posteriormente, o *software* Cufflinks (TRAPNELL et al., 2010) realiza a montagem das transcrições de leituras de RNA-seq que foram alinhadas ao genoma. Sendo necessário como entrada, além dos arquivos BAM, um arquivo de anotação de referência de *C. arabica* L. no formato GFF (*General Feature Format*), disponível no banco de dados públicos do *National Center for Biotechnology Information* (NCBI, 418079). Gerando 4 arquivos de saída no formato GFF para cada condição, o arquivo *assembled transcript* é o de interesse para essa análise. Em seguida, são agrupados usando a ferramenta *StringTie merge* (KOVAGA et al., 2019), resultando em um único arquivo. Este também utiliza o arquivo de anotação GFF como entrada.

As bibliotecas do formato BAM e o arquivo GFF gerado no *StringTie merge* são inseridos no *software* Cuffdiff (TRAPNELL et al., 2010), que irá calcular os níveis de expressão e testar a significância estatística das diferenças observadas. O *Cuffdiff* identifica genes que são regulados diferencialmente no nível transcricional ou pós-transcricional. Nesta etapa iremos utilizar apenas o arquivo *differential expression testing*.

O arquivo apresenta 14 colunas: as colunas de 1 a 4 identificam o transcrito (*test\_id*, *gene\_id*, *gene* e *locus*). As colunas 5 e 6 identificam as condições experimentais (amostras) comparadas na análise. A coluna 7 (*status*) apresenta a palavra OK, caso o teste tenha sido bem-sucedido. As colunas 8 e 9 (*value\_1* e *value\_2*) contém o valor de FPKM (*Fragment Per Kilobase of transcript per Million mapped reads*) em cada condição experimental. Por fim, as colunas 10 a 14 contém o resultado da análise de expressão diferencial, destacando-se  $\log_2$  (*fold\_change*) (o valor do  $\log_2$  da divisão de FPKMy por FPKMx, onde x é a amostra 1 e y a amostra

2), p (o valor p do teste estatístico) e q (o valor p corrigido por FDR, correção em comparações de múltiplas hipóteses). A última coluna (*significant*) irá apresentar a palavra “yes” quando o valor q for menor que o FDR (0,05).

A próxima etapa na plataforma *Galaxy* consiste em filtrar a etapa anterior para selecionar apenas os genes que contém “yes” na última coluna, apresentando somente os genes diferencialmente expressos. Essa etapa foi feita pela ferramenta Filter.

As Tabelas geradas pelo *Cuffdiff* na plataforma *Galaxy* foram exportadas em formato xlt.. Os genes exclusivamente expressos, assim como os *up* e *down regulated*, foram identificados e ordenados no Microsoft Excel (Versão 2003).

No *Galaxy*, o software *cummerbund* (TRAPNELL et al., 2012), permite a visualização de dados de sequenciamento de alto rendimento, promovendo uma análise rápida de dados de RNA-seq. *Cummerbund* reorganiza os arquivos de saída da análise do *Cuffdiff* e armazena esses dados em um banco de dados local, *SQLite*, que posteriormente será utilizado para apresentar métodos de plotagem como o gráfico de *volcano plot* (DOYLE, 2021). O *volcano plot* é um gráfico de dispersão usado para identificar alterações em grandes conjuntos de dados replicados. Ele plota significância versus mudanças de dobra nos eixos y e x, respectivamente. Esta etapa também foi realizada na plataforma galaxy, na extensão *Volcano plot*.

A identificação das proteínas referentes aos genes diferencialmente expressos foi realizada através do site *Uniprot* (<https://www.uniprot.org/>), que apresenta sequências de alta qualidade e informações completas sobre as sequências de proteínas, incluindo função, estrutura de domínio e localização subcelular, assim como as atribuições dos termos GO (*gene ontology*) de cada gene.

O Diagrama de Venn ([www.interactivenn.net](http://www.interactivenn.net)) representou graficamente a relação dos genes diferencialmente expressos entre as bibliotecas (HEBERLE, 2014). No diagrama foi inserido em um conjunto os genes da primeira biblioteca da comparação e em outro conjunto os genes da segunda biblioteca, mostrando a quantidade dos genes presentes em comum e a quantidade dos genes diferentes em relação aos conjuntos. Na última análise em que foi comparada a região apical irrigada com a região apical sem irrigação, assim como a região medial irrigada com a região medial sem irrigação, o diagrama de venn foi realizado com quatro conjuntos,

representando as intersecções dos dados das quatro bibliotecas assim como a diferença entre elas.

## 4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 4.1 Análise do transcriptoma de flores das regiões apicais, mediais e basais do cafeeiro

Visando determinar os procedimentos para análise do transcriptoma, as análises foram iniciadas com os dados de três bibliotecas de flores das partes apical, medial e basal de uma planta não irrigada foram comparados. Dos arquivos FASTq após passarem novamente pelo teste de qualidade no FastQC (Anexo A), foi obtido um total de 23.139.288 sequências para a parte basal, 23.572.530 para a parte medial e 25.757.440 para a parte apical. A porcentagem do conteúdo GC para cada biblioteca foi similar com 44% na basal, 44% na medial e 45% na apical.

Os arquivos gerados foram alinhados no genoma de referência com o *software TopHat*, no total de 79.6% (18.420.608) da região basal, 86.2% (20.327.599) da região medial e 85.4% (22.008.565) da região apical. Os alinhamentos múltiplos foram de 30.7%, 31.5% e 30.7%, respectivamente para as regiões basal, medial e apical (Tabela 3).

**Tabela 3.** Informações do alinhamento realizado nas bibliotecas não irrigadas da região apical, medial e basal.

<b>Informações do Alinhamento</b>			
	<b>Basal</b>	<b>Medial</b>	<b>Apical</b>
<i>Reads</i>	23.139.288	23.572.530	25.757.440
Porcentagem de <i>reads</i> alinhados	79.6%	86.2%	85.4%
Porcentagem de <i>reads</i> não alinhados	20.4%	13.8%	14,6%
Porcentagem de <i>reads</i> com múltiplos alinhamentos	30.7%	31.5%	30.7%
Transcritos	10.968	10.938	10.925

Os arquivos gerados no *TopHat* no formato BAM, foram inseridos no *Cufflinks* gerando quatro novos arquivos para cada biblioteca: *gene expression*,

*transcript expression, assembled transcript, skipped transcript*. O arquivo de interesse para essa análise é o *assembled transcript*, um montador de transcritos, onde estima a sua abundância, testando a expressão diferencial e regulando as amostras de RNA-seq.

Submetidos os *reads* alinhados para a montagem dos *contigs*, obtivemos os seguintes resultados: a biblioteca da região apical produziu um total de 10.925 transcritos, a região medial 10.938 transcritos e a região basal 10.968 transcritos. Após a aplicação da opção de *merge* do *StringTie*, um total de 11.062 transcritos foram identificados.

Posteriormente foi utilizado o *software Cuffdiff*. Nesta etapa as bibliotecas foram comparadas em pares: apical x basal, basal x medial e medial x apical. *Cuffdiff* identificou mudanças significativas na expressão do transcrito, além de rastrear as expressões de transcrição FPKM (+ contagem), testando as diferenças entre o FPKM de transcrições que compartilham o mesmo gene. *Cuffdiff* gerou 15 arquivos de três tipos diferentes FPKM *tracking, differential expression testing* e *read group tracking*. Os arquivos FPKM *tracking* contém os valores de FPKM de cada gene por amostra, ou seja, o número de fragmentos dividido por milhares de bases dividido por milhões de reads. Os arquivos *read group tracking* contém a contagem de sequências mapeadas em cada gene por amostra. Por último, o arquivo *differential expression testing* contém o resultado do teste de expressão diferencial dos genes entre as condições experimentais. Neste documento utilizamos apenas os arquivos *differential expression testing*.

Este arquivo apresenta os valores de FPKM de cada condição experimental, identificando o gene e locus do transcrito. Para selecionar apenas os genes diferencialmente expressos, usamos a ferramenta Filter. A tabela do Filter foi exportada em formato xlt., e organizadas no Excel, de modo a identificar os genes exclusivos, encontrados em apenas uma biblioteca, assim como os *up* e *down regulation* da comparação entre as duas condições. Os resultados estão apresentados na Tabela 4.

**Tabela 4.** Resultado da análise em pares da expressão gênica das bibliotecas de flores não irrigadas da região apical, medial e basal.

	Apical x Medial		Apical x Basal		Medial x Basal	
Genes Diferencialmente expressos	92		58		151	
Genes Regulados Negativamente	4	42	13	1	56	0
Genes Regulados Positivamente	76	16	34	24	30	121
Genes Regulados Positivamente exclusivos	26	9	25	3	21	51

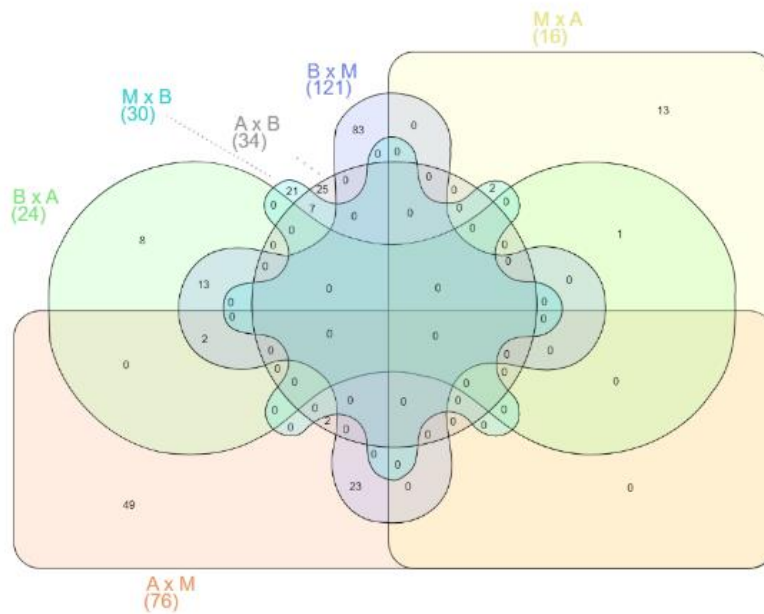
Foram identificados 145 genes exclusivos como resultado das três análises, dos quais 61 genes foram exclusivos para região basal, 52 genes para região apical e 32 genes para região medial.

Foram observados 24 genes regulados positivamente na parte basal da planta em comparação com a parte apical, enquanto 121 genes foram regulados positivamente na parte basal em comparação com a parte medial. Em outra comparação, 34 genes regulados positivamente foi observado nas flores apicais em comparação com as basais e 76 genes nas flores apicais foram regulados positivamente em comparação com as mediais. A última comparação mostrou que 16 genes foram regulados positivamente nas flores mediais em comparação com as apicais, e 30 genes foram expressos positivamente na medial em comparação com a região basal.

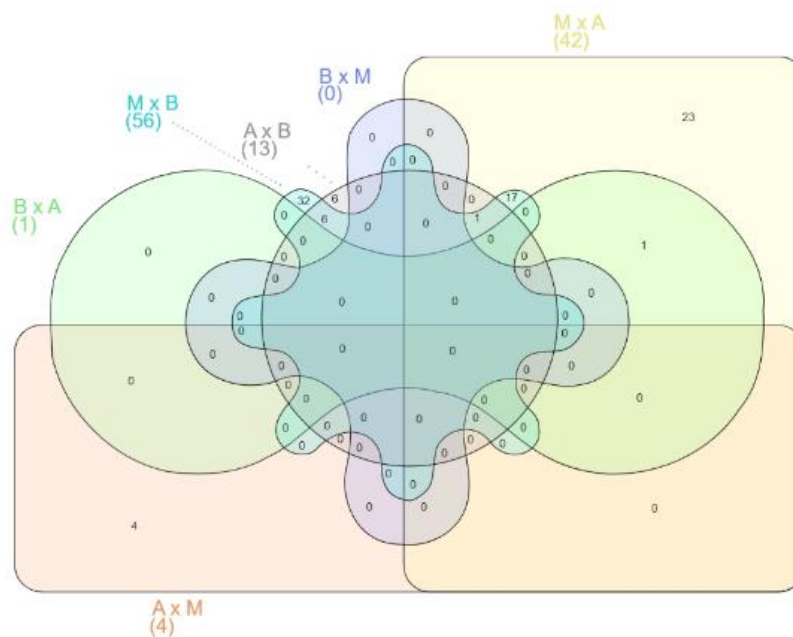
A Figura 5 apresenta o Diagrama de Venn com os genes diferencialmente expressos regulados positivamente de todas as bibliotecas e a correlação entre elas, mostrando a quantidade de genes existentes em comum nas três comparações desta primeira análise.

Os genes regulados negativamente também foram observados nas comparações e anotados na Figura 6. Observamos na comparação entre apical e medial, 4 genes regulados negativamente na parte apical, e 13 genes na parte apical comparada a basal. Na comparação entre basal e apical foi observado 1 gene regulado negativamente na parte basal, e comparando com a medial não foi observado nenhum gene regulado negativamente na parte basal. Em outra comparação, 56 genes regulados negativamente em medial quando comparada a basal, e 42 genes em medial quando comparada a apical

**Figura 5.** Diagrama de Venn apresentando os genes *up regulated*. Comparações realizadas entre as flores coletadas na Região Apical (A), Basal (B) e Medial (M).



**Figura 6.** Diagrama de Venn apresentando os genes *down regulated*. Comparações realizadas entre as flores coletadas na Região Apical (A), Basal (B) e Medial (M).



A anotação destes genes permitiu a identificação de vários genes altamente expressos em cada parte da planta. Os três genes mais expressos de cada região da planta em cada comparação estão descritos nas Tabelas 5, 6 e 7.

**Tabela 5.** Três genes mais expressos na comparação de flores da região apical com a região basal.

		<b>Proteínas/ Genes</b>	
		Apical	Basal
		<i>LOW QUALITY PROTEIN: zinc finger protein (LOC113711139)</i>	<i>Phospholipase A1, EC 3.1.1.- (LOC113743699)</i>
<b>Apical x Basal</b>		<i>anther-specific protein (LOC113743688)</i>	<i>LAT52-like omega-hydroxypalmitate O-feruloyl transferase-like (LOC113735332)</i>
		<i>glycine-rich protein 3 short isoform-like (LOC113736434).</i>	<i>glycine-rich protein 3 short isoform-like (LOC113736434)</i>

**Tabela 6.** Três genes mais expressos na comparação de flores da região apical com a região medial.

		<b>Proteínas/ Genes</b>	
		Apical	Medial
		<i>cinnamoyl-CoA reductase-like SNL6 (LOC113706834)</i>	<i>22.0 kDa class IV heat shock protein-likedede (LOC113731964)</i>
<b>Apical x Medial</b>		<i>desiccation-related protein PCC13-62-like (LOC113733737)</i>	<i>small heat shock protein, chloroplastic-like (LOC113703359)</i>
		<i>repetitive proline-rich cell wall protein 1-like (LOC113731172)</i>	<i>3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransferase, EC 2.5.1.19 (LOC113726785)</i>



**Tabela 7.** Três genes mais expressos na comparação de flores da região medial com a região basal.

		<b>Proteínas/ Genes</b>	
		Medial	Basal
		<i>glycine-rich protein 3 short desiccation-related protein isoform-like</i> (LOC113736434) <i>PCC13-62-like</i> (LOC113733737)	
<b>Medial x Basal</b>		<i>auxin-responsive protein protein HOTHEAD-like SAUR50-like</i> (LOC113711808) (CSE) (LOC113703052)	
		<i>probable NAD(P)H Pectinesterase, EC 3.1.1.11 dehydrogenase subunit CRR3,</i> (LOC113689646)	
		<i>chloroplastic</i> (LOC113716766)	

A listagem de todos os genes diferencialmente expressos identificados nas comparações realizadas entre flores que não tiveram irrigação das regiões apical, basal e medial estão no Anexo B, C e D.

Nesta análise todas as bibliotecas não irrigadas, medial, apical e basal, tiveram uma expressão positiva em relação aos genes da família Citocromo P450, uma superfamília ampla e diversificada de proteínas responsáveis por oxidar um grande número de substâncias para torná-las mais polares e hidrossolúveis (IVAMOTO et al., 2010), além de estar envolvidas na produção de compostos diterpênicos que influenciam na qualidade final da bebida (DE BRITO, 2019).

Na região medial foi observada a expressão da 22.0 kDa *class IV heat shock protein-like* uma proteína de choque térmico, pertencente a família HSP (*Heat shock proteins*). O estresse térmico pode desencadear vários mecanismos de defesa, como a expressão genética induzida para produzir acompanhantes moleculares associados ao estresse chamados HSP. Em geral, os principais HSPs desempenham papéis importantes na prevenção de proteínas dobradas, desnaturadas e agregadas causadas pelas condições de estresse, que contribuem para a tolerância ao estresse abiótico e biótico e facilitam a recuperação e a sobrevivência após o retorno às condições normais de crescimento (KANG et al., 2021). O gene que codifica a proteína *small heat shock protein, chloroplastic-like* da mesma família (HSP), foi o segundo mais expresso da região

medial, é altamente induzível por estresse térmico em quase todos os tecidos vegetativos e generativos e em certos estágios de crescimento e desenvolvimento da planta (CHAUHAN et al., 2012).

Nas flores da parte basal e apical da planta, o gene que codifica a proteína *desiccation-related protein PCC13-62-like*, teve uma alta expressão. Ela está envolvida na tolerância à dessacação vegetal (YOTSUI et al., 2016).

Um gene com expressão positiva na região apical foi o *LOC113743688*, referente a proteína *anther-specific protein LAT52-like*, uma proteína específica de anteras, essencial para o desenvolvimento do pólen facilitando a germinação (KAMARA et al., 2022). Também na região apical, foi observada a proteína *repetitive proline-rich cell wall protein 1-like*. Estudos sugerem que os PRPs (*proteína repetitive proline*) podem funcionar tanto na determinação da estrutura da parede específica do tipo de célula durante o desenvolvimento da planta quanto na contribuição para reações de defesa contra danos físicos e infecções por patógenos (FOWLER et al., 1999).

#### **4.2 Análise das regiões da planta Medial e Apical nas condições de seca e irrigada**

Na segunda análise foi realizada simultaneamente as seguintes comparações: bibliotecas de flores de plantas não irrigadas coletadas na região medial comparadas com as flores da mesma região de plantas que receberam irrigação e as bibliotecas de flores de plantas não irrigadas coletadas na região apical comparadas com as flores da mesma região que receberam irrigação.

As bibliotecas de entrada da região medial totalizaram 23.572.530 *reads* para as bibliotecas de flores não irrigadas e 71.191.793 *reads* para a biblioteca de flores irrigadas (três repetições foram agrupadas), foram alinhadas contra o genoma de referência 89.2% (20.327.599) e 84.1% (59.891.127) das sequências respectivamente.

As bibliotecas de entrada da região apical totalizaram 25.757.440 *reads* para as bibliotecas de flores não irrigadas e 75.875.364 *reads* para a biblioteca de flores irrigadas (três repetições foram agrupadas), também alinhadas contra o genoma de referência, os resultados foram 85.4% para as flores não irrigadas e 76.1% para as flores irrigadas. Os dados das bibliotecas e do alinhamento estão apresentados na tabela 6.

**Tabela 8.** Informações do alinhamento realizado nas bibliotecas da região apical irrigada e não irrigada e da região medial irrigada e não irrigada.

Informações do Alinhamento	Apical Irrigado	Apical não irrigado	Medial Irrigado	Medial não Irrigado
<i>Reads</i>	75.875.364	25.757.440	71.191.793	23.572.530
Porcentagem de <i>reads</i> alinhados	84.1%	89.2%	76.1%	85.4%
Porcentagem de <i>reads</i> não alinhados	15.9%	10.8%	23.9%	14.6%
Porcentagem de <i>reads</i> com múltiplos alinhamentos	28.9%	30.7%	29.0%	31.5%
Transcritos	10.317	10.393	10.334	10.358

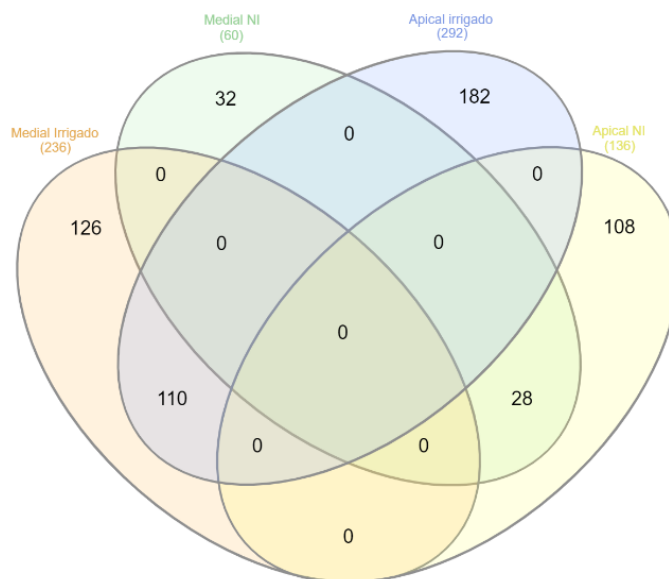
Utilizando o mesmo pipeline das análises anteriores, os resultados da etapa *Cufflinks* (montagem dos transcritos) foram: 10.317 transcritos para apical irrigado, 10.393 transcritos para apical não irrigado, 10.334 transcritos para medial irrigado e 10.358 transcritos para medial não irrigado. Após a etapa *StringTie merge* obteve-se 9.619 transcritos para a região apical e 9.713 transcritos para região medial.

Na etapa *Cuffdiff*, utilizando o parâmetro *default* (FDR 0,05), foi analisado inicialmente a região apical, e identificado 429 genes expressos diferencialmente. Nas flores irrigadas, 293 genes regulados positivamente, sendo 123 exclusivos. Já nas flores não irrigadas, 136 genes expressos diferencialmente sendo 40 exclusivos.

Na região medial os genes diferencialmente expressos totalizaram 510. As flores irrigadas tiveram 450 genes, sendo 125 exclusivos, e 60 genes regulados positivamente para as flores da região medial que não tiveram irrigação, sendo 5 exclusivos.

Comparando os genes exclusivos apresentados em cada biblioteca temos na condição irrigada da região apical 293 genes, destes, 110 também foram identificados na condição irrigada da região medial. Na condição não irrigada na região apical foram identificados 136 genes, destes, 28 também encontrados na região Medial na condição não irrigada. A relação entre os genes diferencialmente expressos identificados em cada região da planta e em cada condição (seca e irrigada) estão representadas no Diagrama de Venn (Figura 7).

**Figura 7.** Diagrama de Venn representando a relação entre as bibliotecas apical e medial.



Também foram testados na etapa *Cuffdiff* o parâmetro FDR 0,1 e FDR 0,5 que resultou numa análise menos estridente em relação a expressão diferencial, como é possível observar na Tabela 9. A relação completa dos genes e proteínas obtidos no FDR 0,05 pode ser visualizado no Anexo E.

**Tabela 8.** Resultados da expressão gênica, utilizando FDR 0,05 (*default*), 0,1 e 0,5 da comparação de flores da região apical que tiveram irrigação com flores da região apical que não tiveram irrigação e flores da região medial que tiveram irrigação com flores da região medial que não tiveram irrigação.

	FDR 0,05				FDR 0,1				FDR 0,5			
	Apical irrigada	Apical não irrigada	Medial irrigada	Medial não irrigada	Apical irrigada	Apical não irrigada	Medial irrigada	Medial não irrigada	Apical irrigada	Apical não irrigada	Medial irrigada	Medial não irrigada
Genes Diferencialmente expressos	429		510		458		592		2743		3607	
Genes regulados Negativamente	0	4	0	1	5	14	0	3	357	528	191	333
Genes regulados Positivamente	293	136	450	60	316	161	533	63	1470	1263	2398	1215
Genes regulados Positivamente Exclusivos	123	40	125	5	53	40	136	20	640	711	424	358

Nas bibliotecas de flores não irrigadas da região medial o gene mais expresso foi *LOC113725680* que codifica a proteína *copper transport protein ATX1-like*, uma proteína essencial para o crescimento das plantas (SHIN et al., 2012).

Os dois primeiros genes mais expressos nas bibliotecas de flores de plantas irrigadas da região medial, um codifica a proteína *stress-induced protein KIN2-like*, que tem um nível mais alto de expressão após tratamentos de baixa temperatura, e outro é relacionado com ABA, um hormônio que atua na dormência de sementes (WANG et al., 1995).

O gene (*LOC113729724*) que codifica a proteína *Chalcone synthase*, foi altamente expresso somente na condição não irrigada na região apical. Essa proteína responsável pela biossíntese de flavonoides, estruturas químicas que fazem parte do desenvolvimento da planta, sendo induzidas em plantas sob condições de estresse (DAO et al., 2011).

### 4.3 Análise do transcriptoma de flores irrigadas e não irrigadas

Na terceira e última análise foram agrupadas todas as bibliotecas irrigadas, da região apical e medial, gerando um único arquivo Fastq e comparada com as bibliotecas não irrigadas da região medial e apical que também foram agrupadas gerando um único arquivo Fastq. Este agrupamento foi realizado na plataforma Galaxy, utilizando a extensão FASTQ to FASTA para converter as bibliotecas e em seguida Merge.files para

unir os arquivos e novamente para converter os arquivos em FASTQ, para ser usado como arquivo de entrada para próxima etapa, em que foi utilizado Combine FASTA and QUAL.

As bibliotecas passaram pela análise de qualidade (FastQC) e trimagem (trimmomatic) e em seguida foram alinhadas no *TopHat*. Do total de 146.948.687 de *reads* para as bibliotecas de flores irrigadas e 49.369.968 para a biblioteca de flores não irrigadas, foram alinhadas contra o genoma de referência 85,3% (125.276.601) e 84,7% (41.804.493) das sequências respectivamente (Tabela 10).

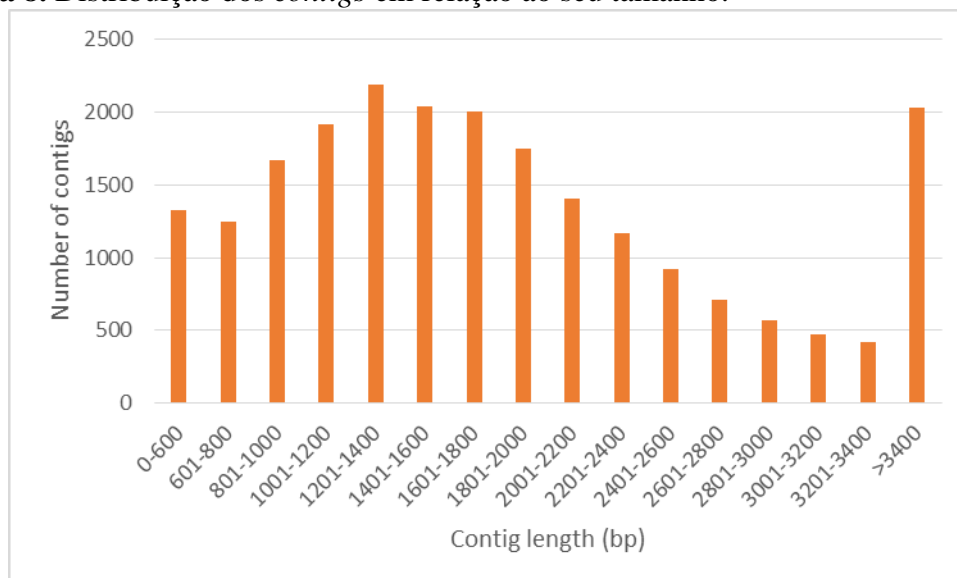
**Tabela 10.** Resultado do alinhamento das bibliotecas contra o genoma de referência.

Informações do Alinhamento		
	Irigado	Não irrigado
<u>Reads</u>	146.948.687	49.369.968
Porcentagem de <u>reads</u> alinhados	85.3%	84.7%
Porcentagem de <u>reads</u> não alinhados	14.7%	15.3%
Porcentagem de <u>reads</u> com múltiplos alinhamentos	29.4%	30.8%
Transcritos	10.776	11.063

#### 4.3.1 Montagem dos transcritos das bibliotecas de flores de plantas irrigadas e não irrigadas

Após os alinhamentos dos *reads* pelo *software TopHat*, foi feita a montagem dos transcritos pelo *software Cufflinks*, onde obtemos os seguintes resultados: a biblioteca de flores de plantas irrigadas produziu um total de 10.776 transcritos e a de flores de plantas não irrigadas produziu 11.063 transcritos. Após a aplicação da opção de merge do *StringTie*, um total de 10.899 transcritos foram identificados, sendo o tamanho do maior *contig* com 12.196 pb, o tamanho do menor *contig* com 38 pb e o tamanho médio dos *contigs* sendo 1657 pb. A Figura 8 mostra a distribuição dos transcritos conforme seu tamanho.

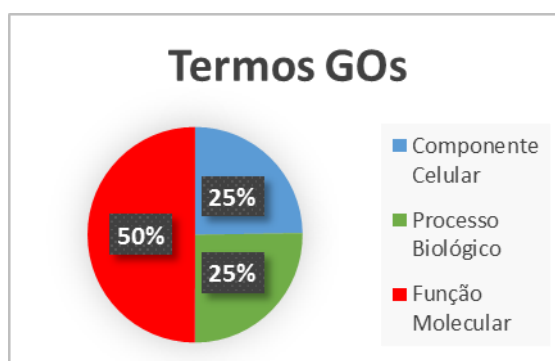
**Figura 8.** Distribuição dos *contigs* em relação ao seu tamanho.



#### 4.3.2 Caracterização funcional dos genes

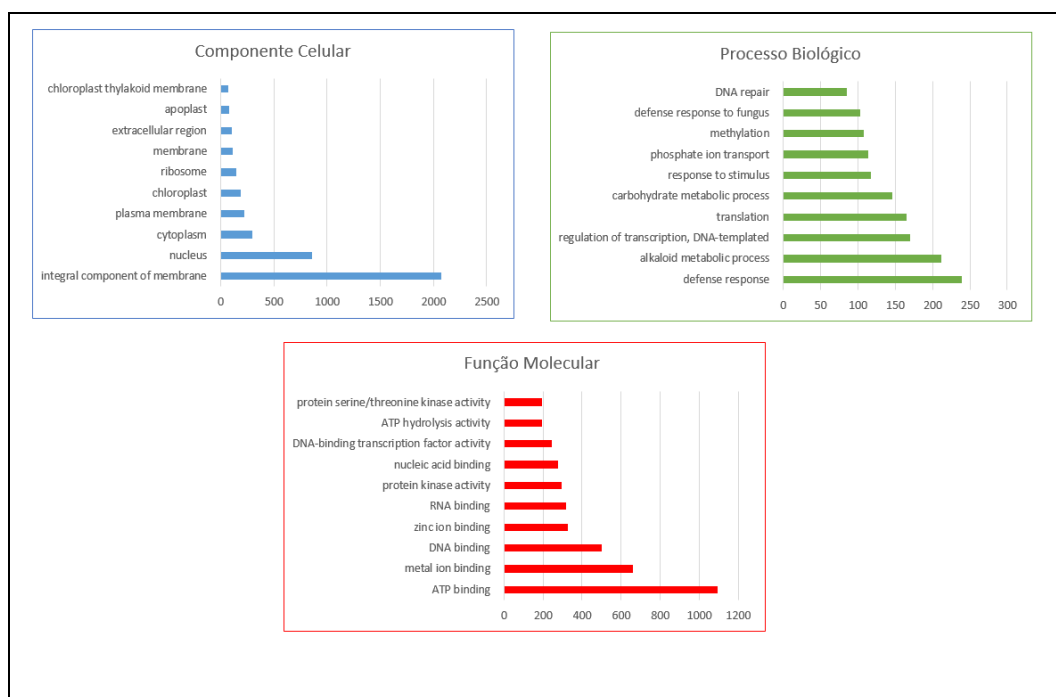
A caracterização funcional dos genes foi realizada com a atribuição de termos GO (*gene ontology*) através do *site Uniprot* (<https://www.uniprot.org/>). Dos 10.899 transcritos identificados, um total de 8.700 *contigs* apresentaram atribuição de um ou mais termos GOs. No total, foram atribuídos 23.109 termos GOs ao longo dos 8.700 *contigs*, onde 50% (11.550) estavam relacionados com função molecular, 25% (5.717) com componente celular e 25% (5.842) com processo biológico (Figura 9).

**Figura 9.** Termos GO de todos os transcritos das bibliotecas de flores irrigadas e não irrigadas.



Os termos GO mais abundantes para categoria de função molecular foram *ATP binding* (GO:0005524), *metal ion binding* (GO:0046872) e *DNA binding* (GO:0003677) e *zinc ion binding* (GO:0008270). Na categoria de processo biológico, *defense response* (GO:0006952), *alkaloid metabolic process* (GO:0009820), *regulation of transcription, DNA-templated* (GO:0006355) e *translation* (GO:0006412) foram os termos atribuídos ao maior número de *contigs*. Por fim, na categoria de componente celular, os termos mais abundantes foram *integral component of membrane* (GO:0016021), *nucleus* (GO:0005634), *cytoplasm* (GO:0005737) e *plasma membrane* (GO:0005886) (Figura 10).

**Figura 10.** Os termos GO mais abundantes para cada categoria de todos os transcritos.

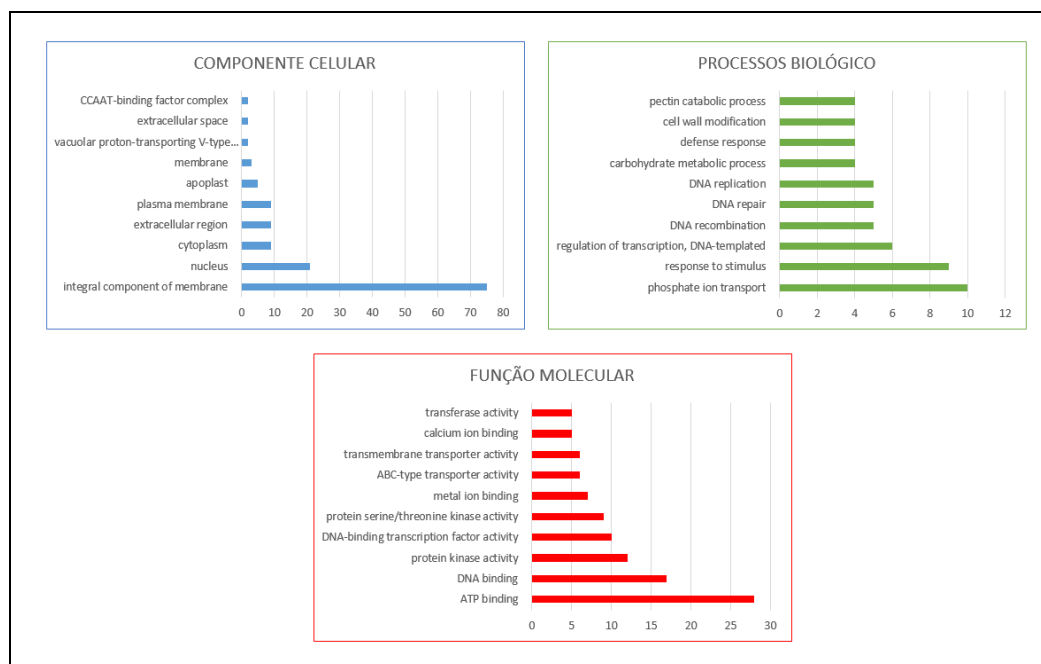


Foram também identificados os termos GOs dos transcritos em cada condição, individualmente: irrigada e não irrigada. 586 termos GO para as bibliotecas de flores irrigadas, sendo 48% relacionados a função molecular, 27% a componente celular e 25% relacionados a processos biológicos. Os termos mais abundantes para categoria função molecular foram: *ATP binding* (GO:0005524), *DNA binding* (GO:0003677),



*protein kinase activity* (GO: 0004672), *DNA-binding transcription factor activity* (GO:0003700). Para categoria processo biológico: *phosphate ion transport* (GO:0006817), *response to stimulus* (GO:0050896), *regulation of transcription, DNA-templated* (GO:0006355) e *DNA recombination* (GO:0006310). Na categoria componente celular os termos mais abundantes foram: *integral component of membrane* (GO:0016021), *nucleus* (GO:0005634), *cytoplasm* (GO:0005737) e *extracellular region* (GO:0005576) (Figura 11).

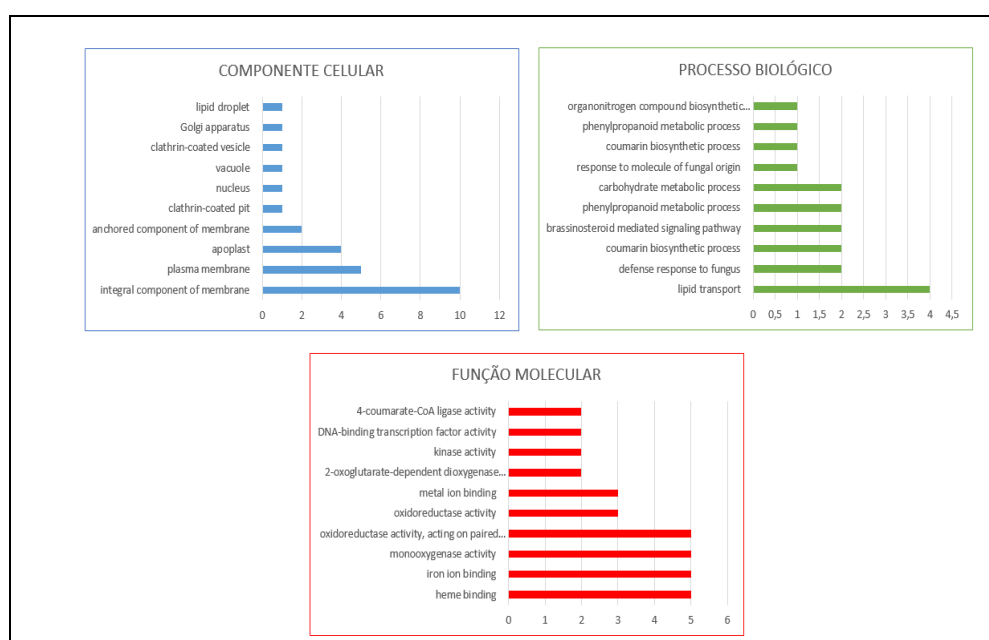
**Figura 11.** Os termos GO mais abundantes para cada categoria dos genes diferencialmente expressos das bibliotecas de flores irrigadas.



Já nas bibliotecas não irrigadas foram identificados 116 termos GO, 55% relacionados a função molecular, 23% na categoria componente celular e 22% na categoria de processos biológicos. Os termos mais abundantes na função molecular foram *heme binding* (GO:0020037), *iron ion binding* (GO:0005506), *monooxygenase activity* (GO:0004497) e *oxidoreductase activity, acting on paired donors, with*

*incorporation or reduction of molecular oxygen* (GO:0016705). Na categoria processo biológico os mais abundantes foram *defense response to fungus* (GO:0005975), *coumarin biosynthetic process* (GO:0009805), *brassinosteroid mediated signaling pathway* (GO:0050832), *phenylpropanoid metabolic process* (GO:0009698). Na categoria componente celular, *integral component of membrane* (GO:0016021), *plasma membrane* (GO:0005886), *apoplast* (GO:0048046) e *anchored component of membrane* (GO:0031225) (Figura 12).

**Figura 12.** Os termos GO mais abundantes para cada categoria dos genes diferencialmente expressos das bibliotecas de flores não irrigadas.

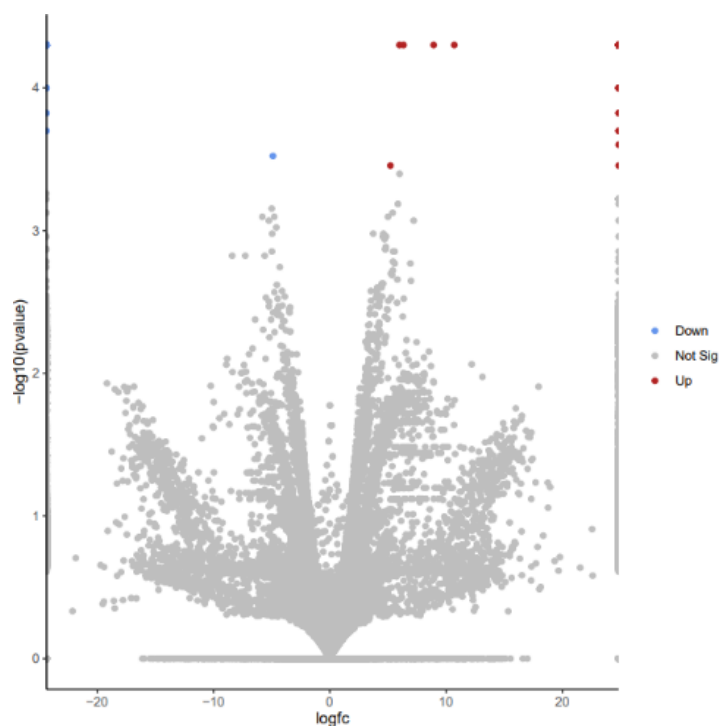


### 4.3.3 Identificação dos genes diferencialmente expressos

No *Cuffdiff*, etapa que encontra mudanças significativas na expressão de transcrição, foi apresentado 21.336 genes, a dispersão dos dados está representada na Figura 13, através do *Vulcano Plot*. O gráfico foi construído traçando o logaritmo negativo do valor p no eixo y (na base 10), resultando em valores de p baixo (altamente significativo) que aparecem na parte superior do gráfico. O eixo x é o logaritmo da mudança de dobra entre as duas condições. Duas regiões do gráfico são de interesse: os

pontos encontrados na parte superior do gráfico que estão distantes do lado esquerdo ou direito, pontos vermelhos genes *up regulated* ou pontos azuis genes *down regulated* e a alta significância estatística, os pontos que estão no topo do gráfico.

**Figura 13.** *Vulcano plot* representando a dispersão de dados das bibliotecas de flores irrigadas (medial e apical) e das bibliotecas de flores não irrigadas (medial e apical).

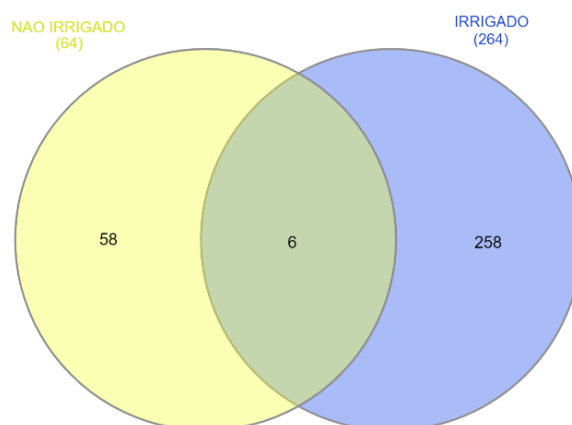


Utilizando o FDR 0,05, foram identificados 322 genes diferencialmente expressos, para as bibliotecas irrigadas (região apical e medial) comparando com as bibliotecas não irrigadas (região apical e medial). Destes 322 transcritos, 297 apresentaram sequências completas para codificação de proteínas.

Nas flores de plantas irrigadas foram identificados 263 genes regulados positivamente, sendo 258 exclusivos das flores irrigadas. Já nas flores não irrigadas

foram identificados 59 genes regulados positivamente, sendo 58 exclusivos das flores não irrigadas. O diagrama de venn apresenta a correlação entre as bibliotecas de flores de plantas irrigadas e não irrigadas, a quantidade de genes exclusivos de cada biblioteca, e os genes encontrados nas duas bibliotecas (Figura 14).

**Figura 14.** Diagrama de Venn apresentando o total de genes diferencialmente expressos que codificam proteínas, os genes em comum e os genes exclusivos entre as bibliotecas de flores irrigadas e não irrigadas.



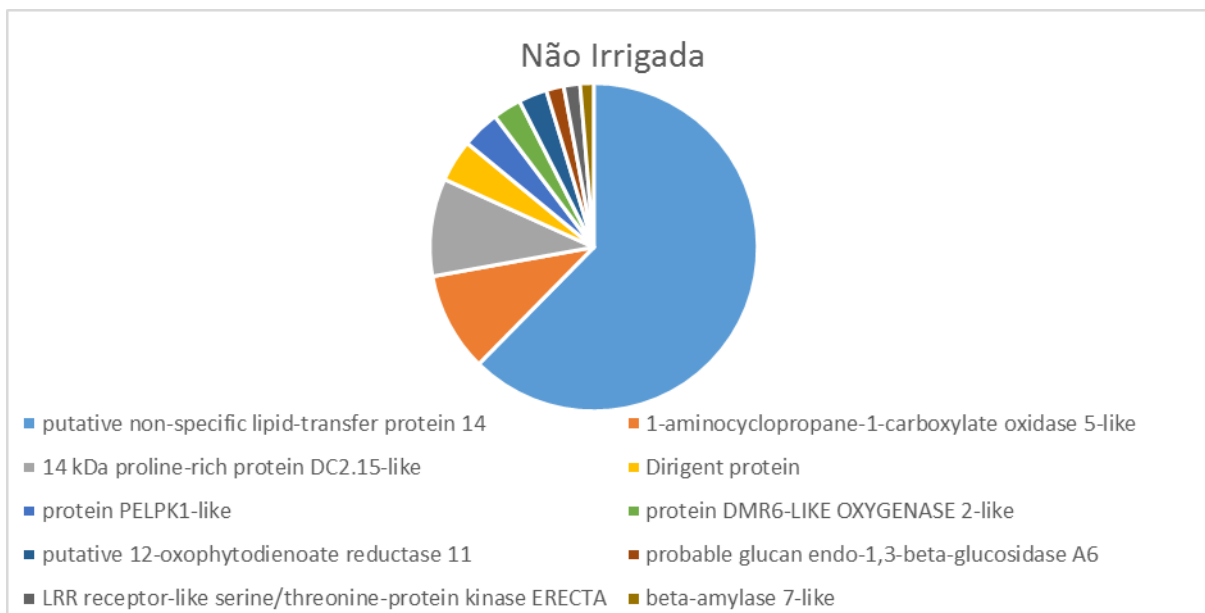
Os genes regulados negativamente totalizaram 5 para as flores de plantas não irrigadas e apenas 1 para as flores de plantas irrigadas. Tabela 11.

**Tabela 11.** Resultado da análise de expressão gênica das flores de plantas irrigadas comparadas com as flores de plantas não irrigadas.

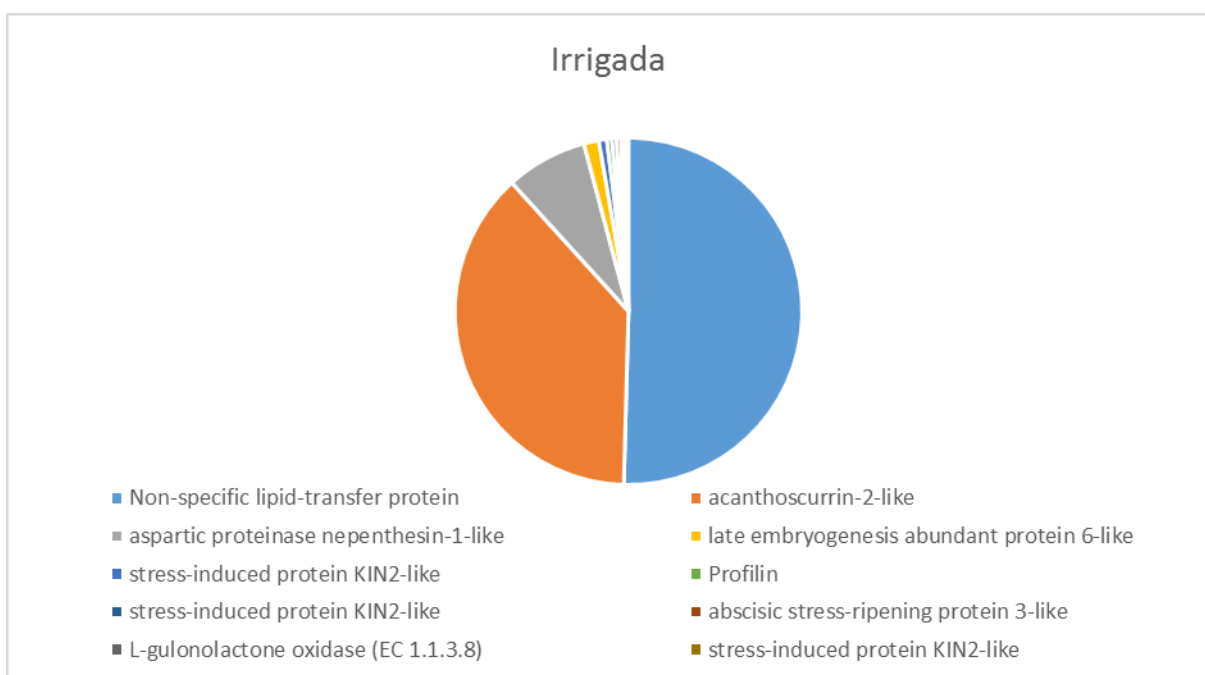
	<b>Irrigado</b>	<b>Não Irrigado</b>
Genes Regulados Negativamente	1	5
Genes Regulados Positivamente	263	59
Genes Regulados Positivamente Exclusivos	258	58

As proteínas de todos os genes diferencialmente expressos foram identificadas e listadas no Anexo F. Os dez genes mais expressos de cada condição são apresentados nas figuras 16 e 17.

**Figura 15.** Proteínas relacionadas aos dez genes mais expressos na condição de não irrigada.



**Figura 16.** Proteínas relacionadas aos dez genes mais expressos na condição irrigada.



O gene *LOC113739493* que codifica a proteína *Non-specific lipid-transfer protein* (nsLTPs) foi altamente expresso nas cultivares irrigadas. As proteínas de transferência de lipídios formam a primeira barreira entre as plantas e os estresses ambientais, limitando a perda de água não estomática e as trocas gasosas, minimizando os efeitos da seca e controlando a perda de água associada à condutância epidérmica (CHARVOLIN et al., 1999).

Na condição não irrigada o gene *LOC113730098* que codifica a mesma proteína, *nsLTPs*, está entre os mais expressos nessa condição, visto que desempenha um papel importante no desenvolvimento da tolerância à seca, porém sua expressão foi menor do que nas plantas irrigadas. As proteínas de transferência de lipídios (*LTPs*) estão envolvidas na transferência de lipídios através da matriz celular para a formação da cera cuticular, formando a primeira barreira entre as plantas e o estresse ambiental (MOFATTO et al., 2016).

O gene *LOC113713679* foi regulado positivamente na segunda e terceira análise para as flores de plantas não irrigadas, ele codifica a proteína *1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase 5-like*, uma enzima envolvida na biossíntese de etileno, que promove o amadurecimento de diversas partes da planta. No caso do café, o etileno acelera o amadurecimento quando os grãos atingem o verde granado, em seguida, o café evolui para a verde cana e depois para o ponto ideal de maturação, a cereja (SANTOS, 2020).

Em todas as comparações, nas plantas irrigadas, houve uma alta expressão do gene que codifica a proteína *late embryogenesis abundant protein 1-like* (*LOC113729770*, *LOC113737769*) uma proteína relacionada a embriogênese que protege a planta contra a dessecação durante os períodos de déficit hídrico nos órgãos vegetativos (OLVERA et al., 2011), mas não apresentou expressão nas flores de plantas não irrigadas.

Foram identificados os genes (*LOC113706386*, *LOC113703389*, *LOC113702411*, *LOC113701324*) que codificam a proteína *stress-induced protein KIN2-like*, que tiveram uma maior atividade transcricional nas flores de plantas que receberam irrigação, região medial e apical. Essa proteína é expressa em níveis mais altos após tratamentos de baixa temperatura e ABA (ácido abscísico), que é um hormônio vegetal que atua em vários processos de desenvolvimento de plantas

incluindo a dormência das sementes e respostas de resistência à seca (WANG et al., 1995).

## 5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

O estudo do perfil de expressão em flores de *C. arabica* L. submetidas a estresse hídrico possibilitou a identificação de genes e de suas interações durante os processos de estresse abiótico. As análises mostraram uma maior quantidade de genes regulados positivamente nas cultivares irrigadas. As bibliotecas apresentaram mais genes associados a função molecular.

O uso da plataforma Galaxy proporcionou uma análise mais precisa e rápida. Apesar das análises de RNA-seq gerarem arquivos bastante grandes, a plataforma permitiu uma fácil visualização dos dados por meio de um navegador, de forma totalmente on-line, possibilitando que as comparações entre as amostras fossem realizadas de maneira simultânea.

Este foi o primeiro trabalho de análise de transcriptoma de flores, em diferentes regiões (apical, medial e basal) da planta e nas situações de seca e irrigada. O trabalho forneceu uma grande quantidade de dados para futuros trabalhos relacionados ao transcriptoma de *C. arabica* L., colaborando para estudos relacionados a produção e qualidade da bebida.

## 6 REFERENCIAL TEÓRICO

ARAÚJO, Inara. S. Desempenho produtivo do café arábica no brejo paraibano. 2021. 35 p. Monografia (Graduação em Agronomia) –Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal da Paraíba, Areia, 2021. Disponível em: <<https://repositorio.ufpb.br/jspui/handle/123456789/20597>>. Acesso em: 23 dez. 2022

ALCANTARA, Clauber Barbosa De. “Desenvolvimento vegetativo de linhagens de cafeeiro (*Coffea arabica* L.) nas condições de cerrado em Patrocínio-MG ” (*Coffea*, 2012, 51.) Disponível em <<http://www.sbicafe.ufv.br:80/handle/123456789/5872>>. Acesso em 05 jul. 2022.

ALMEIDA, J. A. S. de *et al.* Análise morfofisiológica de plantas de *Coffea arabica* L. em períodos de seca e de precipitação. *Agrometeoros*, [s. l.], v. 26, n. 1, 2018. Disponível em: <<https://doi.org/10.31062/agrom.v26i1.26335>>. Acesso em: 10 ago. 2021.

ARRUDA, A. C. *et al.* Justificativas e motivações do consumo e não consumo de café. *Ciência e Tecnologia de Alimentos*, [s. l.], v. 29, n. 4, p. 754–763, 2009. Disponível em: <<https://doi.org/10.1590/S0101-20612009000400009>>

AVELAR, R. D. P. Regulação do etileno em cafeeiros cultivados sob diferentes níveis de déficit hídrico. [s. l.], p. 55, 2018.

BARBOSA, H. R. Análise do transcriptoma e da expressão gênica de importantes fases de desenvolvimento da broca do café (*Hypothenemus hampei*) e avaliação de potenciais genes alvos aplicados ao seu controle. [s. l.], 2019.

BARRETO, H. G. Análise dos genes homólogos de florescimento em café arábica. [s. l.], p. 74, 2011.

BATUT B., VAN DEN BEEK M., DOYLE MA, SORANZO N. (2021) RNA-Seq Data Analysis in Galaxy. Em: Picardi E. (eds) RNA Bioinformatics. *Methods in Molecular Biology*, vol 2284. Humana, New York, NY. [https://doi.org/10.1007/978-1-0716-1307-8\\_20](https://doi.org/10.1007/978-1-0716-1307-8_20).



BOLGER, A. M., Lohse, M., & Usadel, B. (2014). Trimmomatic: a flexible trimmer for Illumina sequence data. *Bioinformatics*, 30(15), Retrieved from <http://dx.doi.org/10.1093/bioinformatics/btu170>

CARDON, C. H. Identificação de polimorfismos no *Flowering locus t* (ft) e sua expressão gênica em diferentes espécies do gênero *coffea*. [s. l.], p. 79, 2016.

CARVALHO, F.S. O impacto das mudanças climáticas na produção de café arábica nos municípios de Alfenas e Conceição do Rio Verde. 2019. Disponível em: O impacto das mudanças climáticas na produção de café arábica nos municípios de Alfenas e Conceição do Rio Verde | col:7679 | com:1741 (fgv.br). Acesso em: 1 jun. 2021.

CARVALHO, G. Fenologia do cafeeiro. [s. l.], [s. d.]. Disponível em: <https://www.guycarvalho.com.br/noticia/215/fenologia-do-cafeeiro>. Acesso em: 1 out. 2021.

CHARVOLIN, D. *et al.* The crystal structure of a wheat nonspecific lipid transfer protein (ns-LTP1) complexed with two molecules of phospholipid at 2.1 Å resolution. *European Journal of Biochemistry*, [s. l.], v. 264, n. 2, p. 562–568, 1999. Disponível em: <https://onlinelibrary.wiley.com/doi/abs/10.1046/j.1432-1327.1999.00667.x>. Acesso em: 17 jun. 2022.

CHAUHAN H, Khurana N, Nijhavan A, Khurana JP, Khurana P. The wheat chloroplastic small heat shock protein (sHSP26) is involved in seed maturation and germination and imparts tolerance to heat stress. *Plant Cell Environ.* 2012 Nov;35(11):1912-31. doi: 10.1111/j.1365-3040.2012.02525. x. Epub 2012 May 22. PMID: 22530593. Acesso em 30 de set. 2022.

COELHO, G.; SILVA, A. M. da. O efeito da época de irrigação e de parcelamentos de adubação sobre a produtividade do cafeeiro em três safras consecutivas. *Ciência e Agrotecnologia* v.29 n.2 2005, [s. l.], 2015. Disponível em: <<http://repositorio.ufla.br/jspui/handle/1/6048>>. Acesso em: 1 ago. 2021.

*COFFEA ARABICA* GENOME. [S. l.], [s. d.]. Disponível em: <https://worldcoffeeresearch.org/work/coffea-arabica-genome/>. Acesso em: 4 out. 2021.

CONAB. COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. Acompanhamento de safra brasileiro – grãos: Nono levantamento, junho 2013 – safra 2012/2013.: Brasília:

Companhia Nacional de Abastecimento. 2013. Disponível em:<<https://www.conab.gov.br/OlalaCMS>>. Acesso em: 02 ago. 2021.

CONESA, A., Götzt, S., García-Gómez, J. M., Terol, J., Talón, M., and Robles, M. (2005). Blast2go: a universal tool for annotation, visualization and analysis in functional genomics research. *Bioinformatics*, 21(18):3674–3676.

CONESA, A. *et al.* A survey of best practices for RNA-seq data analysis. *Genome Biology*, [s. l.], v. 17, p. 13, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s13059-016-0881-8>

COSTA-SILVA J, DOMINGUES D, LOPES FM (2017) Análise de expressão diferencial de RNA-Seq: Uma revisão estendida e uma ferramenta de software. *PLoS ONE* 12 (12): e0190152. <<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0190152>>

CUSTÓDIO, A. A. de P. Manejo da irrigação na lavoura cafeeira (*Coffea arabica* L.) recepada. [s. l.], 2014. Disponível em: <<http://repositorio.ufla.br/jspui/handle/1/3020>>. Acesso em: 14 ago. 2021.

DAO, T.T.H., Linthorst, H.J.M. & Verpoorte, R. Chalcone synthase and its functions in plant resistance. *Phytochem Rev* 10, 397 (2011). Disponível em: <<https://doi.org/10.1007/s11101-011-9211-7>>. Acesso em: 15 set. 2022.

DAVIS, A. P. *et al.* An annotated taxonomic conspectus of the genus *Coffea* (Rubiaceae). *Botanical Journal of the Linnean Society*, v. 152, n. 4, p. 465–512, dez. 2006.

DAVIS, A. P.; TOSH, J.; RUCH, N.; FAY, M. F. Growing coffee: *Psilanthus* (Rubiaceae) subsumed on the basis of molecular and morphological data; implications for the size, morphology, distribution and evolutionary history of *Coffea*. *Botanical Journal of the Linnean Society, Londres*, v. 167, n. 4, p. 357-377. 2011.

DE OLIVEIRA, R. R. *et al.* Development in *Coffea arabica* L.: new insights into MADS-box genes. *Plant Reproduction*, v. 27, n. 2, p. 79-94, 2014

DE OLIVEIRA, R. R. *et al.* Elevated Temperatures Impose Transcriptional Constraints and Elicit Intraspecific Differences between Coffee Genotypes. *Frontiers in Plant*

Science, [s. l.], v. 11, p. 1113, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.01113>

DUBBERSTEIN, D. et al. Impacto do déficit hídrico e do aumento de temperatura nas características estomáticas de *Coffea spp.* [s. l.], p. 5, 2019.

DUTRA NETO, C. et al. Indicação geográfica do planalto de Vitória da Conquista, denominação de origem para o café. Revista Extensão e Cidadania, 4 (7): 103- 114, 2017.

FANTIM, T. Florada do café: três cuidados para garantir boa qualidade e produtividade - AgroSmart. In: AGROBLOG. 6 set. 2018. Disponível em: <https://agrosmart.com.br/blog/florada-do-cafe-tres-cuidados-para-garantir-boa-qualidade-e-productividade/>. Acesso em: 1 out. 2021.

FAGUNDES, D.; CAGLIARI, A. Sequenciamento de RNA em larga escala como ferramenta para identificação e caracterização de genes em culturas de importância agrônômica. Revista Eletrônica Científica da UERGS, [s. l.], v. 5, p. 271–279, 2019. Disponível em: <<https://doi.org/10.21674/2448-0479.53.271-279>> Acesso em: 1 out. 2021.

FERRÃO, R. G. et al. Melhoramento Genético de *Coffea canephora*. *livro2007cafeconilon5.pdf*. Disponível em <https://biblioteca.incaper.es.gov.br/digital/bitstream/item/696/1/livro2007cafeconilon5.pdf>. Acesso em 02 de out 2021

FAROOQ, M. et al. Plant drought stress: effects, mechanisms and management. In: Sustainable agriculture. Springer Netherlands, 2009. p. 153-188.

FERREIRA, M.A.M. Bioinformática como ferramenta no melhoramento genético de plantas. Universidade federal do Espírito Santo centro de ciências humanas e naturais departamento de Ciências Biológicas, 2017.

FLOREZ, J. C. et al. TRANSCRIPTOMA DO CAFEIEIRO (*Coffea arabica* L.) NA INTERAÇÃO COM *Hemileia vastatrix* Berk. & Br. [s. l.], p. 1, [s. d.].

FOWLER TJ, Bernhardt C, Tierney ML. Characterization and expression of four proline-rich cell wall protein genes in Arabidopsis encoding two distinct subsets of

multiple domain proteins. *Plant Physiol.* 1999 Dec;121(4):1081-92. DOI: 10.1104/pp.121.4.1081. PMID: 10594096; PMCID: PMC59476. Acesso em: 29 de set. 2022.

GOMES, A. L. CIÊNCIA E IDEOLOGIA: Uma análise crítica da teoria do aquecimento global. [s. l.], p. 140, 2018.

GONÇALVES, K. Estudo de bioinformática aplicado à análise de expressão gênica utilizando dados oriundos de sequenciamento por tecnologia de “Next-Generation” em animais controle e em modelos de epilepsia do lobo temporal mesial. 2015.

HEBERLE, H. Uma abordagem visual para análise comparativa de redes biomoleculares com apoio de diagramas de Venn. 2014. text - Universidade de São Paulo, [s. l.], 2014. Disponível em: <<https://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/55/55134/tde-19032015-115427/pt-br.php>>. Acesso em: 29 jan. 2022.

HEBERLE, H.; Meirelles, G. V.; da Silva, F. R.; Telles, G. P.; Minghim, R. *InteractiVenn: a web-based tool for the analysis of sets through Venn diagrams*. *BMC Bioinformatics* 16:169 (2015).

HRDLICKOVA, R.; TOLOUE, M.; TIAN, B. RNA-Seq methods for transcriptome analysis. *Wiley Interdisciplinary Reviews: RNA*, v. 8, n. 1, p. e1364, 2017.

IVAMOTO, S. T., Pot, D., Ferreira, L. P., Alves, L. C., Domingues, D. S., Vieira, L. G. E., & Pereira, L. F. P. (2010). Análise *in silico* da expressão gênica de citocromo p450 relacionada ao metabolismo de diterpenos em *Coffea*. *Embrapa Café (CNPc)*. CONGRESSO BRASILEIRO DE GENÉTICA, 56., 2010, Guarujá.

KAMARA, N., Lu, Z., Jiao, Y. *et al.* An uncharacterized protein NY1 targets EAT1 to regulate anther tapetum development in polyploid rice. *BMC Plant Biol* 22, 582 (2022). <https://doi.org/10.1186/s12870-022-03976-0>

KANG, Y.; Jang, S.-W.; Lee, H.J.; Barchenger, D.W.; Jang, S. Expression Profiling of Heat Shock Protein Genes as Putative Early Heat-Responsive Members in Lettuce. *Horticulturae* 2021, 7, 312. Disponível em <<https://doi.org/10.3390/horticulturae7090312>>. Acesso em: 10 ago. 2022.

KOVAKA, S., Zimin, A. V., Pertea, G. M., Razaghi, R., Salzberg, S. L., & Pertea, M. (2019). Transcriptome assembly from long-read RNA-seq alignments with StringTie2. *Genome Biology*, 20(1). Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s13059-019-1910-1> Acesso em: 15 mai. 2022.

KIM, D., Pertea, G., Trapnell, C., Pimentel, H., Kelley, R., & Salzberg, S. L. (2013). TopHat2: accurate alignment of transcriptomes in the presence of insertions, deletions and gene fusions. *Genome Biology*, 14(4), R36. Retrieved from <http://dx.doi.org/10.1186/gb-2013-14-4-r36>. Acesso em: 30 set. 2022.

MARTINS, C. C. et al. Manejo da irrigação por gotejamento no cafeeiro (*Coffea arabica* L.). *Bioscience Journal*, [s. l.], v. 23, n. 2, 2007. Disponível em: <<http://www.seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/6627>>. Acesso em: 14 ago. 2021.

MARTINS, D. C. et al. Qualidade fisiológica de sementes de café provenientes de diferentes níveis de radiação solar e estádios de maturação. [s. l.], 2011. Disponível em: <<http://www.sbicafe.ufv.br/handle/123456789/3192>>. Acesso em: 14 ago. 2021.

MATIELLO, J. B.; SANTINATO, R.; GARCIA, A. W. R.; ALMEIDA, S. R.; FERNANDES, D. R. *Cultura de café no Brasil: manual de recomendações*. 548p. Rio de Janeiro-RJ; Varginha-MG: SARC/PROCAFÉ, 2010. Data atualização 23 de nov 2015.

MIRANDA, G. B. Poda programada de ciclo do café arábica aspectos: morfológicos e produtivos. [s. l.], p. 82, 2019.

MOFATTO, L. S. *et al.* Identification of candidate genes for drought tolerance in coffee by high-throughput sequencing in the shoot apex of different *Coffea arabica* cultivars. *BMC Plant Biology*, [s. l.], v. 16, n. 1, p. 94, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s12870-016-0777-5>. Acesso em: 30 set. 2022.

MONDEGO, J. M. et al. An EST-based analysis identifies new genes and reveals distinctive gene expression features of *Coffea arabica* and *Coffea canephora*. *BMC Plant Biology*, [s. l.], v. 11, n. 1, p. 30, 2011. Disponível em: <<https://doi.org/10.1186/1471-2229-11-30>>

MORAIS, H. *et al.* Escala fenológica detalhada da fase reprodutiva de *Coffea arabica*. *Bragantia*, [s. l.], v. 67, p. 257–260, 2008. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0006-87052008000100031>. Acesso em :15 out. 2022.

MORGAT, A. *et al.* Enzyme annotation in UniProtKB using Rhea. *Bioinformatics*, [s. l.], v. 36, n. 6, p. 1896–1901, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btz817>. Acesso em 30 set. 2022.

MULDER, N.; APWEILER, R. InterPro and InterProScan: tools for protein sequence classification and comparison. *Methods in Molecular Biology (Clifton, N.J.)*, [s. l.], v. 396, p. 59–70, 2007. Disponível em: [https://doi.org/10.1007/978-1-59745-515-2\\_5](https://doi.org/10.1007/978-1-59745-515-2_5). Acesso em: 15 set 2022.

NASCIMENTO, M. N. D. Estudo de alguns eventos do florescimento do cafeeiro relacionados a fatores do ambiente. [s. l.], p. 43, 2006. National Center for Biotechnology Information. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/CM011102.1?report=genbank>. Acesso em 07 out. 2021

NCBI. COFFEA ARABICA ISOLADO: CCC135-36 | CULTIVAR:CATURRA... (ID 497895) – BIOPROJECT. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/bioproject/497895>. Acesso em: 27 jul. 2021.

OLIVEIRA-Carrillo Y, Luis Reyes J, Covarrubias AA. Late embryogenesis abundant proteins: versatile players in the plant adaptation to water limiting environments. *Plant Signal Behav.* 2011 Apr;6(4):586-9. doi: 10.4161/psb.6.4.15042. Epub 2011 Apr 1. PMID: 21447997; PMCID: PMC3142399.

OLIVEIRA, Lucas Eduardo de; ROLIM, Glauco de Souza. Forecasting of the annual yield of Arabic coffee using water deficiency. *Pesq. agropec. bras.*. 2018. Vol. 53(12):1299-1310. DOI: 10.1590/s0100-204x2018001200002

Organização internacional do café - história. [S. l.], [s. d.]. Disponível em: <[https://www.ico.org/icohistory\\_e.asp?section=About\\_Us](https://www.ico.org/icohistory_e.asp?section=About_Us)>. Acesso em: 14 ago. 2021.

PELOSO, A. F.; TATAGIBA, S. D.; AMARAL, J. F. T. Limitações do crescimento vegetativo em cafeeiro arábica promovido pelo déficit hídrico. *Revista Engenharia na Agricultura - Reveng*, [s. l.], v. 25, n. 2, p. 139–147, 2017. Disponível em: <<https://doi.org/10.13083/reveng.v25i2.755>>

PERTEA, M., KIM, D., PERTEA, G. et al. Análise de expressão em nível de transcrição de experimentos de RNA-seq com HISAT, StringTie e Ballgown. *Nat Protoc* 11, 1650–1667 (2016). <<https://doi.org/10.1038/nprot.2016.095>>

PEZZOPANE, C. de G. et al. Metodologia para avaliação do comportamento fenológico de cultivares de *Coffea arabica*. [s. l.], 2007. Disponível em: <<http://www.sbicafe.ufv.br/handle/123456789/2527>>. Acesso em: 04 jun. 2021.

QUEIROGA, V. P. et al. Cultivo do café (*Coffea arabica* L.) orgânico sombreado para produção de grãos de alta qualidade. 1 Edição. Associação da revista eletrônica A barriguda – AREPB. 2021.

ROCHA, O. C. et al. Manejo estratégico de irrigação para a cultura do café (*Coffea arabica* L.) NO CERRADO BRASILEIRO. [s. l.], p. 3, [s. d.]. 2007.

SANTOS, T. B. dos. Expressão de três isoformas de galactinol sintase em plantas de *Coffea arabica* L. submetidas a estresses abióticos. [S. l.], 2008.

SANTOS, I. S. Influência do etileno na regulação do florescimento de *Coffea arabica* L. [s. l.], 2016. Disponível em: <<http://www.sbicafe.ufv.br/handle/123456789/8454>>. Acesso em: 12 ago. 2016.

SANTOS, J. de O. et al. Análises da expressão dos genes APX e CAPYL8A em progênies de *Coffea arabica* submetidas ao déficit hídrico. X Simpósio de Pesquisa dos Cafés do Brasil, 2019. Disponível em: <<http://www.consorciopesquisacafe.com.br/ojs/index.php/SimposioCafe2019/article/view/91>> Acesso em: 7 ago. 2021.

SANTOS, R. F.; CARLESSO, R. Déficit hídrico e os processos morfológico e fisiológico das plantas. *Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental*, [s. l.], v. 2, n. 3, p. 287–294, 1998. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/1807-1929/agriambi.v2n3p287-294>

SHARMA, A., KUMAR, V., SHAHZAD, B. et al. Photosynthetic Response of Plants Under Different Abiotic Stresses: A Review. *J Plant Growth Regul* 39, 509–531 (2020). Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s00344-019-10018-x>.

SHIN LJ, Lo JC, Yeh KC. Copper chaperone antioxidant protein1 is essential for copper homeostasis. *Plant Physiol.* 2012 Jul;159(3):1099-110. doi: 10.1104/pp.112.195974. Epub 2012 May 3. PMID: 22555879; PMCID: PMC3387697. Acesso em 02 out. 2022.

SILVA, A. M. da et al. Efeito da época de início da irrigação e do parcelamento de adubação sobre a uniformidade de maturação e produtividade do café. [s. l.], 2000. Disponível em: <<http://www.sbicafe.ufv.br/handle/123456789/563>>. Acesso em: 3 ago. 2021.

SILVA EA, Mazzafera P, Brunini O, Sakai E, Arruda FB, Mattoso LHC, et al. The influence of water management and environmental conditions on the chemical composition and beverage quality of coffee beans. *Braz J Plant Physiol.* 2005;17:229–38.

SONESON, C., DELORENZI, M. A comparação de métodos para análise de expressão diferencial de dados de RNA-seq. *BMC Bioinformatics* 14, 91 (2013). <<https://doi.org/10.1186/1471-2105-14-91>>

SOUZA, B. P. et al. Expressão de genes relacionados ao metabolismo do nitrogênio em mudas de café arábica submetidas a déficit hídrico. [s. l.], p. 6, 2015.

SOUSA, E. F. Efeito da irrigação na produtividade do cafeeiro (*Coffea arabica* L.). [s. l.], p. 4, [s. d.].

TAUNAY, Affonso de E.. História do café no Brasil: no Brasil colonial 1727-1822. Rio de Janeiro: 1939. v.1, t.1, 395 p.

TOMAZ, M. A. et al.. Produção de mudas de qualidade: base para a sustentabilidade da lavoura cafeeira. In book: INOVAÇÃO, DIFUSÃO E INTEGRAÇÃO: BASES PARA A SUSTENTABILIDADE DA CAFEICULTURA (pp.71-88), Jan 2012.

TORRES, L. F. Expression of the CCDREB1D promoter in *Coffea arabica*: functional genomics and transcriptome. p. 192. Disponível em <<http://www.sbicafe.ufv.br/handle/123456789/11251> . Acesso 5 de jun.

TOSSANI, F. C. et al. Influência da irrigação na densidade e produtividade de *Coffea arabica* L. (cv Acaiá). [s. l.], 2019. Disponível em:



<<https://www.semanticscholar.org/paper/INFLU%C3%8ANCIA-DA-IRRIGA%C3%87%C3%83O-NA-DENSIDADE-E-DE-Coffea-L.-Tossani-Santini/b921898caca2e09f8bbdc159dd73b748b8045c9c>>. Acesso em: 11 ago. 2021.

TWELL, D., Wing, R., Yamaguchi, J. et al. Isolation and expression of an anther-specific gene from tomato. *Molec. Gen. Genet.* 217, 240–245 (1989). <https://doi.org/10.1007/BF02464887>. Acesso em 01 de out. 2022.

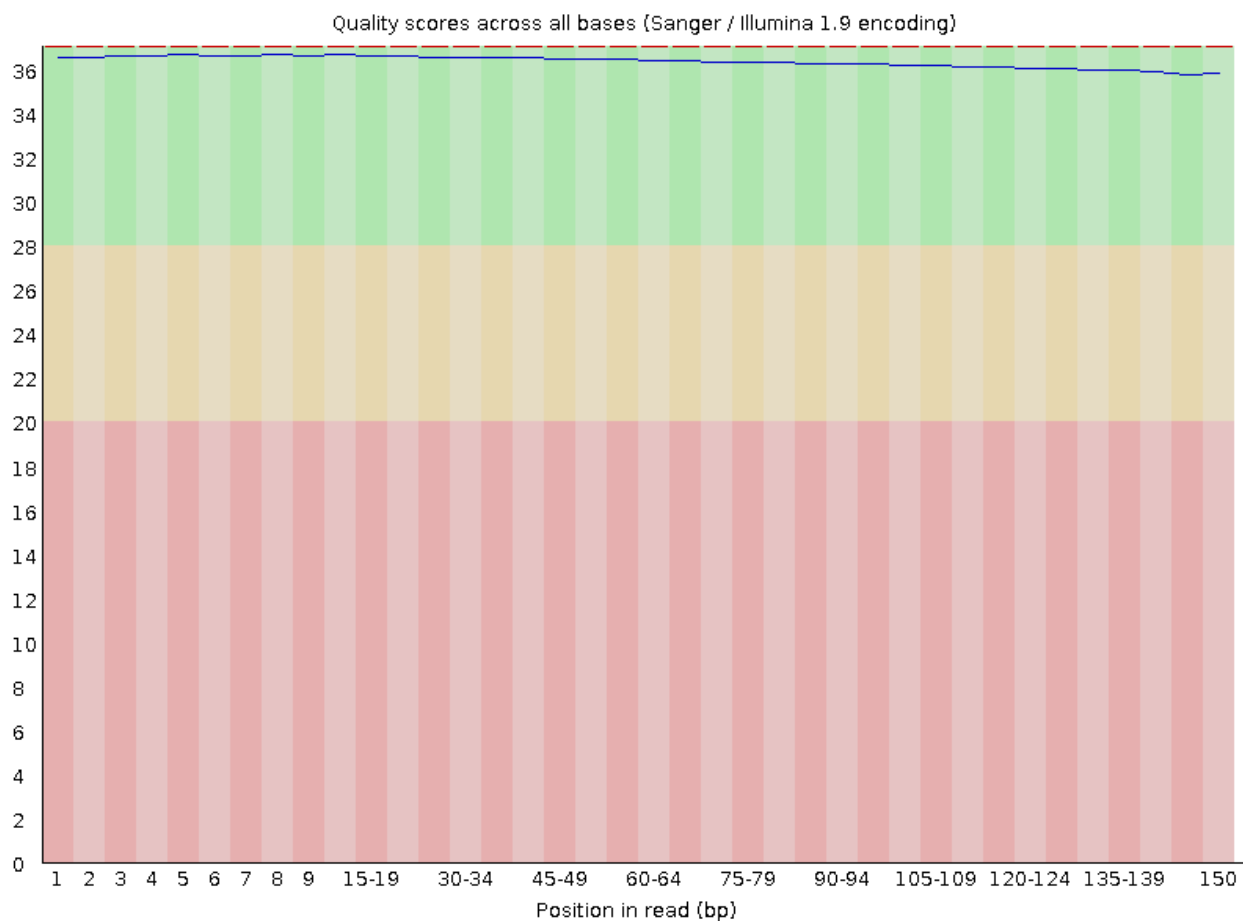
VARON, F.; CARLOS, J. Transcriptoma do cafeeiro (*Coffea arabica* L.) durante a interação com *Hemileia vastatrix* Berk. & Br. [s. l.], 2017. Disponível em: <<https://locus.ufv.br/handle/123456789/11658>>. Acesso em: 14 ago. 2021.

WANG, Z., GERSTEIN, M. & SNYDER, M. RNA-Seq: a revolucionary tool for transcriptomics. *Nat Rev Genet* 10, 57–63 (2009). <<https://doi.org/10.1038/nrg2484>>

WANG, H., Datla, R., Georges, F. et al. Promoters from *kin1* and *cor6.6*, two homologous *Arabidopsis thaliana* genes: transcriptional regulation and gene expression induced by low temperature, ABA, osmoticum and dehydration. *Plant Mol Biol* 28, 605–617 (1995). <https://doi.org/10.1007/BF00021187>. Acesso em: 30 de set. 2022.

ZERLOTINI NETO, A.; CINTRA, L. C. Análise de dados de rna-seq utilizando o galaxy. - Portal embrapa. [S. l.], [s. d.]. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/busca-de-publicacoes/-/publicacao/1064217/analise-de-dados-de-rna-seq-utilizando-o-galaxy>>. Acesso em: 14 jul. 2021.

## ANEXOS

**Anexo A** – Qualidade das sequências analisadas pelo FastQC.**Anexo B** – Genes diferencialmente expressos de plantas não irrigadas, identificados entre a comparação da região apical e basal.

GENES	PROTEÍNAS	FPKM - APICAL	FPKM - BASAL
LOC113701594	#N/D	1.07619	0
LOC113709100	#N/D	0.958117	0
LOC113714128	#N/D	12.4268	55.5828
LOC113724018	#N/D	0	1.12474
LOC113737802	#N/D	0	11.9579
LOC113742769	#N/D	1.58711	0
LOC113743712	#N/D	1.19003	0
LOC113689611	ABC transporter G family member 9-like	11.9513	44.0869

LOC113690017	NAC transcription factor 56-like	7.25827	38.5601
LOC113690134	Pectinesterase (EC 3.1.1.11)	1.71466	0
LOC113690890	Condensin complex subunit 2	0	0.650794
LOC113691643	uncharacterized protein LOC113691643	0	1.61145
LOC113694609	uncharacterized protein LOC113694609	44.5705	598.085
LOC113694979	putative methyltransferase DDB_G0268948	1.15109	0
LOC113700038	serine/threonine-protein kinase SAPK7-like	0	1.43297
LOC113702974	nudix hydrolase 8 isoform X2	1.37851	0
LOC113703285	ent-kaurenoic acid oxidase 2-like	0.969758	0
LOC113703332	protein ECERIFERUM 26-like	0	2.704
LOC113703338	premnaspirodiene oxygenase-like	1.25525	0
LOC113706286	Cytokinin riboside 5'-monophosphate phosphoribohydrolase (EC 3.2.2.n1)	1.87344	0
LOC113706518	Sulfotransferase (EC 2.8.2.-)	0	1.65216
LOC113706672	zinc finger protein 10-like	2.24291	0
LOC113707296	Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-)	1.20384	0
LOC113709456	WRKY transcription factor 28-like	2.16932	0
LOC113709473	ABC transporter B family member 9-like	1.91555	17.4009
LOC113709695	uncharacterized protein LOC113709695 isoform X1	2.23583	0
LOC113711139	LOW QUALITY PROTEIN: zinc finger protein ZAT10-like	44.3743	7.27026
LOC113716534	uncharacterized protein LOC113716534	1.06757	0
LOC113716766	probable NAD(P)H dehydrogenase subunit CRR3, chloroplastic	3.06489	0
LOC113718641	uncharacterized protein LOC113718641	5.52825	0
LOC113720555	monooxygenase 2-like	1.02676	0
LOC113720971	ethylene-responsive transcription factor ERF027-like	1.74423	0
LOC113721560	RING-H2 finger protein ATL70-like	0	4.97995
LOC113725696	Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-)	1.23258	0
LOC113726067	cytochrome P450 86A1	6.23773	38.3673
LOC113726834	uncharacterized protein LOC113726834 isoform X1	1.78454	0
LOC113727020	Xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase (EC 2.4.1.207)	1.41109	0
LOC113729184	GDSL esterase/lipase At2g30220-like	0	2.29545
LOC113729299	zinc transporter 1-like	4.78027	37.9916
LOC113729463	metal tolerance protein B-like	3.87581	30.7234
LOC113730054	protein OCTOPUS-like	7.37255	24.6874
LOC113733488	late embryogenesis abundant protein-like	1.81609	0
LOC113733953	universal stress protein PHOS34-like	3.43106	36.7074
LOC113734890	phosphate transporter PHO1-like	0	1.45015
LOC113735018	uncharacterized protein LOC113735018	0.833805	0
LOC113735313	DELLA protein RGL1-like	1.12278	0
LOC113735332	omega-hydroxypalmitate O-feruloyl transferase-like	7.3239	62.1558
LOC113736434	glycine-rich protein 3 short isoform-like	4.31384	0

LOC113736578	Pectinesterase (EC 3.1.1.11)	1.02766	0
LOC113737154	putative disease resistance protein RGA4	1.67522	0
LOC113737753	uncharacterized protein LOC113737753	2.25498	0
LOC113738267	mannose/glucose-specific lectin-like	2.70482	0
LOC113742910	Potassium transporter	10.292	47.1439
LOC113742981	oleosin 1-like	2.37243	0
LOC113743317	3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] reductase 2, chloroplastic-like	0.935485	0
LOC113743688	anther-specific protein LAT52-like	6.04381	0
LOC113743699	Phospholipase A1 (EC 3.1.1.-)	14.9435	67.898
LOC113737171	#N/D	0	4.15463

**Anexo C** – Genes diferencialmente expressos de plantas não irrigadas, identificados entre a comparação da região apical e medial.

<b>GENES</b>	<b>PROTEÍNAS</b>	<b>FPKM - APICAL</b>	<b>FPKM - MEDIAL</b>
LOC113687857	#N/D	1.07807	0
LOC113690185	#N/D	1.19241	0
LOC113707438	#N/D	209.233	64.3147
LOC113718386	#N/D	68.6776	3.27377
LOC113722409	#N/D	33.8641	11.9223
LOC113737802	#N/D	0	2.07824
LOC113743712	#N/D	1.21999	0
LOC113687598	LOB domain-containing protein 2-like	71.1114	21.509
LOC113688986	heavy metal-associated isoprenylated plant protein 16-like	172.477	58.7282
LOC113689526	LOB domain-containing protein 2-like	54.8439	12.4828
LOC113689646	Pectinesterase (EC 3.1.1.11)	122.777	32.5339
LOC113689681	9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase NCED1, chloroplastic-like	50.086	14.1979
LOC113689754	probable serine/threonine-protein kinase SIS8 isoform X7	18.7812	3.7152
LOC113690543	Endoglucanase (EC 3.2.1.4)	0.834316	0
LOC113690933	protein NUCLEAR FUSION DEFECTIVE 4-like	0.857501	0
LOC113692130	early nodulin-like protein 2	1.22902	0
LOC113692592	omega-hydroxypalmitate O-feruloyl transferase-like	94.6553	28.1155
LOC113693589	R111 (protein ALP1-like)	25.7385	1.95455
LOC113694506	double-stranded RNA-binding protein 1-like	0	1.22795
LOC113694609	uncharacterized protein LOC113694609	45.6925	4.90188
LOC113695149	GDSL esterase/lipase At1g29670-like	1.19578	0
LOC113695657	LOW QUALITY PROTEIN: wall-associated receptor kinase-like 20	1.85632	0
LOC113695770	fatty alcohol:caffeoyl-CoA acyltransferase-like	174.661	48.1991

LOC113695795	uncharacterized protein LOC113695795	1.34879	0
LOC113696360	amino acid permease 6-like	0.85561	0
LOC113698209	aspartic proteinase nepenthesin-1-like	14.3811	2.17676
LOC113698277	probable polyol transporter 6	0.74679	0
LOC113698531	cytochrome P450 CYP736A12-like	1.30713	0
LOC113700738	G-type lectin S-receptor-like serine/threonine-protein kinase LECRK3	0.711757	0
LOC113701836	probable 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase At3g50210	2.28843	0
LOC113701959	uncharacterized protein LOC113701959	3.77574	0
LOC113702851	cytochrome P450 CYP72A219-like	0	0.811388
LOC113703052	protein HOTHEAD-like	77.3641	25.3118
LOC113703155	BURP domain-containing protein 3-like	76.2946	25.6884
LOC113703359	small heat shock protein, chloroplastic-like	20.7664	52.0342
LOC113703556	aspartyl protease family protein At5g10770-like	0.925571	0
LOC113703798	cinnamoyl-CoA reductase-like SNL6	93.0317	22.1181
LOC113706388	BURP domain protein RD22-like	17.4903	4.25735
LOC113706834	cinnamoyl-CoA reductase-like SNL6	67.211	19.2166
LOC113707702	uncharacterized protein LOC113707702 isoform X1	0.768268	0
LOC113709014	Pectate lyase (EC 4.2.2.2)	31.156	5.37555
LOC113710055	RING-type E3 ubiquitin transferase (EC 2.3.2.27)	27.5567	9.77885
LOC113710630	Pectate lyase (EC 4.2.2.2)	27.0637	4.8097
LOC113710910	Mannan endo-1,4-beta-mannosidase (EC 3.2.1.78)	0	1.68742
LOC113711139	LOW QUALITY PROTEIN: zinc finger protein ZAT10-like	45.4913	9.50609
LOC113711856	pathogenesis-related protein 5-like	492.134	100.925
LOC113712164	E3 ubiquitin-protein ligase ATL15-like	0	2.36771
LOC113712588	cytochrome P450 734A1-like	0	1.44001
LOC113713789	pathogenesis-related protein 5-like	348.698	72.0624
LOC113713893	putative 12-oxophytodienoate reductase 11	39.3512	9.61459
LOC113714389	protein MKS1-like	1.68395	0
LOC113716044	short-chain dehydrogenase reductase ATA1-like	1.76988	0
LOC113716501	WAT1-related protein	1.11284	0
LOC113717406	uncharacterized protein LOC113717406 isoform X1	0.931182	0
LOC113721753	Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-)	1.08815	0
LOC113724723	probably inactive receptor-like protein kinase At2g46850	0	0.748354
LOC113725536	caffeoylshikimate esterase-like	122.336	34.4726
LOC113726785	3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransferase (EC 2.5.1.19)	3.28722	12.9458
LOC113728574	Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-)	117.145	38.3634
LOC113728702	pelargonidin 3-O-(6-caffeoylglucoside) 5-O-(6-O-malonylglucoside) 4'''-malonyltransferase-like	2.37908	0
LOC113728809	aspartic proteinase CDR1-like	31.9086	11.9066
LOC113729568	uncharacterized protein LOC113729568	77.7381	29.5617

LOC113730180	protein HOTHEAD-like	126.907	40.395
LOC113731172	repetitive proline-rich cell wall protein 1-like	60.2367	20.6055
LOC113731195	auxin-responsive protein SAUR21-like	5.15392	0
LOC113731578	transcription factor bHLH18-like	0.781378	0
LOC113731964	22.0 kDa class IV heat shock protein-like	19.3758	66.6092
LOC113731978	uncharacterized protein LOC113731978 isoform X1	59.299	16.211
LOC113732836	flavanone 3-dioxygenase 2-like	0.928578	0
LOC113733737	desiccation-related protein PCC13-62-like	64.4943	0
LOC113733935	RING-H2 finger protein ATL2-like	53.3778	21.0615
LOC113735332	omega-hydroxypalmitate O-feruloyl transferase-like	7.50826	0
LOC113736194	monothiol glutaredoxin-S4	0	3.93067
LOC113736764	RING-H2 finger protein ATL2-like	31.278	8.64728
LOC113737809	probable glucan endo-1,3-beta-glucosidase A6	53.4522	19.3121
LOC113738906	DELLA protein RGL1-like	0.98273	0
LOC113739445	calmodulin-binding protein 60 A-like	1.11969	0
LOC113740198	receptor-like protein EIX1	0.860928	0
LOC113741255	uncharacterized protein LOC113741255	0.679692	0
LOC113741295	alpha-1,2-Mannosidase (EC 3.2.1.-)	0	1.24596
LOC113741838	SNF1-related protein kinase regulatory subunit gamma-like PV42a	53.6984	10.1374
LOC113741907	zinc finger protein 1-like	1.20823	0
LOC113742038	organic cation/carnitine transporter 1-like	23.0924	3.2555
LOC113743460	mitochondrial import inner membrane translocase subunit TIM22-4-like	0	1.19511
LOC113703223	#N/D	6.75159	1.67748
LOC113705561	#N/D	12.9827	34.2209
LOC113713548	#N/D	128.418	48.4405
LOC113718908	#N/D	0	2.02145
LOC113722740	#N/D	9.0519	0
LOC113724826	#N/D	21.2401	3.38573
LOC113725644	#N/D	0	18.8417
LOC113739721	#N/D	96.4339	26.1238

**Anexo D** – Genes diferencialmente expressos de plantas não irrigadas, identificados entre a comparação da região basal e medial.

GENES	PROTEÍNAS	FPKM - MEDIAL	FPKM - BASAL
LOC113687857	#N/D	0	6.0031
LOC113690185	#N/D	0	2.81785
LOC113701594	#N/D	1.01829	0
LOC113705741	#N/D	4.91544	29.6743
LOC113710041	#N/D	0	15.3858
LOC113714128	#N/D	7.82275	56.9302

LOC113718386	#N/D	3.22585	180.177
LOC113722409	#N/D	11.7478	50.2712
LOC113724018	#N/D	0	1.152
LOC113735364	#N/D	2.11546	0
LOC113737420	#N/D	0	1.45812
LOC113737883	#N/D	0	1.43308
LOC113739386	#N/D	4.77748	49.776
LOC113687598	LOB domain-containing protein 2-like	21.1942	113.056
LOC113688090	protein ULTRAPETALA 1-like	0	2.15721
LOC113688278	feruloyl CoA ortho-hydroxylase 2-like Pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1- phosphotransferase subunit beta (PFP) (EC 2.7.1.90) (6-phosphofructokinase, pyrophosphate dependent) (PPI-PFK) (Pyrophosphate-dependent 6- phosphofructose-1-kinase)	0	5.29912
LOC113689330	phosphofructose-1-kinase)	3.6931	33.3971
LOC113689526	LOB domain-containing protein 2-like	12.3001	111.663
LOC113689611	ABC transporter G family member 9-like	5.4834	45.1556
LOC113689646	Pectinesterase (EC 3.1.1.11)	32.0577	234.992
LOC113690017	NAC transcription factor 56-like	5.61709	39.4949
LOC113690279	putative disease resistance protein RGA3	1.58886	10.9122
LOC113690607	F-box/kelch-repeat protein At3g06240-like	1.92286	0
LOC113690792	protein NRT1/ PTR FAMILY 7.1-like	0	1.84178
LOC113691335	uncharacterized protein At4g15970-like	0	2.5205
LOC113691784	sm-like protein LSM36B	0	2.8854
LOC113692390	uncharacterized protein LOC113692390 isoform X1 Xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase (EC 2.4.1.207)	0	2.07811
LOC113692935		0	2.72273
LOC113694609	uncharacterized protein LOC113694609	4.83013	612.584
LOC113695210	uncharacterized protein LOC113695210	0	17.4298
LOC113695719	RING-type E3 ubiquitin transferase (EC 2.3.2.27)	0	2.27017
LOC113696120	protein LATE FLOWERING	14.4932	86.9048
LOC113697334	beta-amyrin 28-monooxygenase-like	3.85579	27.5498
LOC113697392	aldehyde dehydrogenase family 2 member C4-like	16.235	89.1893
LOC113698209	aspartic proteinase nepenthesin-1-like	2.14489	59.3226
LOC113698973	ferruginol synthase-like	2.33046	0
LOC113700038	serine/threonine-protein kinase SAPK7-like	0	1.46771
LOC113700063	cinnamoyl-CoA reductase-like SNL6 lysosomal amino acid transporter 1 homolog isoform	3.96366	29.1102
LOC113701017	X2	0	1.15702
LOC113701319	aspartic proteinase nepenthesin-1-like PI-PLC X domain-containing protein At5g67130-like	0	4.41511
LOC113702455	isoform X1	0	1.06383
LOC113703052	protein HOTHEAD-like	24.9413	255.456
LOC113703332	protein ECERIFERUM 26-like	0	2.76955
LOC113703798	cinnamoyl-CoA reductase-like SNL6	21.7943	208.201
LOC113704292	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 56-like	0	7.03239
LOC113704788	protein POLAR LOCALIZATION DURING ASYMMETRIC	0	5.91121

DIVISION AND REDISTRIBUTION-like			
LOC113705314	lysine-specific demethylase JM1706-like isoform X1	5.5445	24.4745
LOC113706170	receptor-like protein Cf-9 homolog	0	0.625751
LOC113706545	ankyrin repeat-containing protein NPR4-like	1.79088	0
LOC113706598	disease resistance protein RPM1-like	0	0.761606
LOC113706796	protein HOTHEAD-like	6.01756	50.2723
LOC113706834	cinnamoyl-CoA reductase-like SNL6	18.9354	169.923
LOC113707900	uncharacterized protein LOC113707900	0	5.79006
LOC113707962	ankyrin repeat-containing protein NPR4-like	0.882431	0
LOC113708030	uncharacterized protein LOC113708030	0	1.6008
LOC113708771	Carboxypeptidase (EC 3.4.16.-)	0	1.30595
LOC113708774	Carboxypeptidase (EC 3.4.16.-)	1.76493	50.8917
LOC113709014	Pectate lyase (EC 4.2.2.2)	5.29687	64.9607
LOC113709251	Pectate lyase (EC 4.2.2.2)	0	2.72228
LOC113709473	ABC transporter B family member 9-like	0.576924	17.8227
LOC113709490	inositol transporter 4-like isoform X1	10.2488	72.8222
LOC113709695	uncharacterized protein LOC113709695 isoform X1	1.09805	0
LOC113710346	polygalacturonase QRT3-like	8.86148	38.9458
LOC113710375	Cytochrome b561 and DOMON domain-containing protein	16.7596	89.1955
LOC113710630	Pectate lyase (EC 4.2.2.2)	4.7393	73.1641
LOC113711808	auxin-responsive protein SAUR50-like	3.42397	0
LOC113712588	cytochrome P450 734A1-like	1.41893	0
LOC113712993	uncharacterized protein LOC113712993	1.8274	0
LOC113713232	uncharacterized aarF domain-containing protein kinase At1g71810, chloroplastic-like	6.18359	30.6866
LOC113713893	putative 12-oxophytodienoate reductase 11	9.47386	53.6402
LOC113714385	LOW QUALITY PROTEIN: BEL1-like homeodomain protein 11	0	1.5092
LOC113715149	Epidermal patterning factor-like protein	2.03249	0
LOC113715168	hyoscyamine 6-dioxygenase-like	1.27358	0
LOC113715342	cyclin-J18-like isoform X3	0	1.8391
LOC113715952	Dirigent protein	0	8.45803
LOC113716044	short-chain dehydrogenase reductase ATA1-like	0	5.11342
LOC113716227	uncharacterized protein LOC113716227	0	3.98566
LOC113716376	cysteine-rich receptor-like protein kinase 10 isoform X2	0	0.684615
LOC113716518	Dynein light chain	9.98203	65.3042
LOC113716766	probable NAD(P)H dehydrogenase subunit CRR3, chloroplastic	3.30802	0
LOC113717032	LOW QUALITY PROTEIN: uncharacterized protein LOC113717032	0	1.27054
LOC113718835	ankyrin repeat-containing protein BDA1-like	1.13825	0
LOC113718921	isoflavone reductase homolog PCBER-like isoform X2	1.6247	0
LOC113719504	uncharacterized protein LOC113719504 isoform X2	0	1.11684
LOC113721560	RING-H2 finger protein ATL70-like	0	5.10067
LOC113722613	deacetylvindoline O-acetyltransferase-like	1.84583	0



LOC113722663	S-norcochlorine synthase 1-like	0	1.93755
LOC113723848	4-coumarate--CoA ligase (EC 6.2.1.12)	0	0.968489
LOC113723901	putative glycine-rich cell wall structural protein 1	4.85804	35.7239
LOC113724237	Carboxypeptidase (EC 3.4.16.-)	0	6.11266
LOC113727940	AT-hook motif nuclear-localized protein	5.81192	27.3063
LOC113728003	Methyltransferase (EC 2.1.1.-)	13.2076	91.9134
LOC113728459	ethylene-responsive transcription factor ERF027-like	0	1.57122
LOC113728809	aspartic proteinase CDR1-like	11.7323	53.6798
LOC113728870	extensin-2-like	0	1.14035
LOC113728942	Carboxypeptidase (EC 3.4.16.-)	0	2.20457
LOC113729125	protein INVOLVED IN DE NOVO 2-like	1.0484	0
LOC113729184	GDSL esterase/lipase At2g30220-like	0	2.35109
LOC113729568	uncharacterized protein LOC113729568	29.129	135.817
LOC113729689	LOB domain-containing protein 20-like	0	19.1195
LOC113730792	serine/threonine-protein kinase PCRK1-like	11.5635	65.0619
LOC113730892	sugar carrier protein C-like	5.77971	29.1208
LOC113730896	LOW QUALITY PROTEIN: sugar carrier protein C-like	2.3662	26.6765
LOC113731031	GDSL esterase/lipase At5g45920-like	17.4575	68.9956
LOC113731085	uncharacterized protein LOC113731085	0	0.831212
LOC113731379	Peroxidase (EC 1.11.1.7)	1.55564	0
LOC113731383	CDPK-related kinase 5-like isoform X1	5.03962	31.0716
LOC113732307	cinnamoyl-CoA reductase 1-like	2.71357	25.1312
LOC113732387	L-type lectin-domain containing receptor kinase IV.1-like	0	0.881415
LOC113733122	Methyltransferase (EC 2.1.1.-)	9.97643	47.3504
LOC113733433	QWRF motif-containing protein 7-like	0	1.8016
LOC113733488	late embryogenesis abundant protein-like	3.10741	0
LOC113733737	desiccation-related protein PCC13-62-like	0	422.268
LOC113733972	uncharacterized protein LOC113733972	2.60136	0
LOC113734320	protein unc-13 homolog isoform X1	0	0.587433
LOC113734890	phosphate transporter PHO1-like	0	1.4853
LOC113735332	omega-hydroxypalmitate O-feruloyl transferase-like	0	63.6625
LOC113735405	peroxygenase 1-like	0	4.02789
LOC113735769	leucine-rich repeat receptor protein kinase EMS1-like	1.56236	0
LOC113736076	uncharacterized protein LOC113736076	3.15824	0
LOC113736434	glycine-rich protein 3 short isoform-like	4.00556	0
LOC113736713	protein NRT1/ PTR FAMILY 7.1-like	0	1.35783
LOC113736835	L-type lectin-domain containing receptor kinase IV.1-like	0	1.31429
LOC113737051	protein unc-13 homolog isoform X1	0	0.962441
LOC113737154	putative disease resistance protein RGA4	1.81343	0
LOC113737809	probable glucan endo-1,3-beta-glucosidase A6	19.0294	92.81
LOC113737817	sugar transport protein 8-like	1.11531	0
LOC113737938	peroxygenase 1-like	0	9.99514
LOC113738417	F-box/LRR-repeat protein 14-like	1.16523	0
LOC113738439	aldehyde oxidase GLOX-like	0	2.55847

LOC113738586	flavonol 3-O-glucosyltransferase UGT89B1-like	5.39217	26.0704
LOC113738663	transcription factor MYB54-like	5.06839	42.7622
LOC113739114	Bidirectional sugar transporter SWEET putative leucine-rich repeat receptor-like	0	6.23851
LOC113739646	serine/threonine-protein kinase At2g24130	0	0.595651
LOC113739648	shikimate O-hydroxycinnamoyltransferase-like	3.67288	20.76
LOC113740815	Bidirectional sugar transporter SWEET	0	15.8458
LOC113741255	uncharacterized protein LOC113741255	0	1.29606
LOC113741391	uncharacterized protein LOC113741391 isoform X1	2.72489	17.1446
LOC113741403	uncharacterized protein LOC113741403 SNF1-related protein kinase regulatory subunit gamma-like PV42a	0.937726	0
LOC113741838	organic cation/carnitine transporter 1-like	9.98901	92.8442
LOC113742038	Potassium transporter	3.20785	81.8303
LOC113742910	Sucrose synthase (EC 2.4.1.13)	7.69788	48.2868
LOC113742943	protein ACCELERATED CELL DEATH 6-like	1.41598	12.7705
LOC113743294	anther-specific protein LAT52-like	0	0.941289
LOC113743688	Phospholipase A1 (EC 3.1.1.-)	3.06357	0
LOC113743699	NAC transcription factor 56-like	9.44627	69.5439
LOC113743760		4.44404	29.0328
LOC113719050	#N/D	0.670035	0
LOC113722740	#N/D	0	9.17532
LOC113725644	#N/D	18.5659	0
LOC113737171	#N/D	0	4.25534

**Anexo E** – Genes diferencialmente expressos identificados entre a comparação da região apical com irrigação e região apical sem irrigação.

GENES	PROTEÍNAS	FPKM - APICAL IRRIGADA	FPKM - APICAL NÃO IRRIGADA
LOC113687224	#N/D	17.6053	0
LOC113691012	#N/D	2.00981	0
LOC113691971	#N/D	4.52681	0
LOC113692118	#N/D	11.8643	0
LOC113698805	#N/D	0	1.4175
LOC113706492	#N/D	0	3.78942
LOC113709708	#N/D	0	2.73535
LOC113712152	#N/D	1.79697	0
LOC113716446	#N/D	0	5.32953
LOC113716639	#N/D	0	3.3225
LOC113722667	#N/D	0	3.64419
LOC113722743	#N/D	0	17.219

LOC113722790	#N/D	50.632	0
LOC113723104	#N/D	10.5569	0
LOC113724044	#N/D	68.1438	0
LOC113725907	#N/D	15.8773	0
LOC113732002	#N/D	1.08188	0
LOC113733793	#N/D	5.07767	0
LOC113736719	#N/D	2.38944	0
LOC113737607	#N/D	8.8634	0
LOC113738518	#N/D	0	8.94726
LOC113741060	#N/D	1.81676	0
LOC113687230	rho GDP-dissociation inhibitor 1-like	42.4295	0
LOC113687343	cysteine-rich receptor-like protein kinase 10	2.54257	0
LOC113687490	putative zinc finger protein CONSTANS-LIKE 11	4.83149	0
LOC113687568	uncharacterized protein At4g04980-like	3.72127	0
LOC113687598	LOB domain-containing protein 2-like	0	57.7208
LOC113687622	cytochrome P450 CYP72A219-like	3.22128	0
LOC113687626	protein trichome birefringence-like 41	6.82635	0
LOC113687762	Potassium transporter	0	5.09528
LOC113688083	ABC-type xenobiotic transporter (EC 7.6.2.2)	0.827259	0
LOC113688711	uncharacterized protein LOC113688711	2.61415	0
LOC113688784	15-cis-phytoene synthase (EC 2.5.1.32)	0	4.72473
LOC113688811	polyphenol oxidase I, chloroplastic-like isoform X1	0	1.9866
LOC113688913	uncharacterized protein LOC113688913	3.78258	0
LOC113689084	calcium-dependent protein kinase 17-like	2.88409	0
LOC113689190	transmembrane emp24 domain-containing protein p24beta2-like	6.95633	0
LOC113689261	rho GDP-dissociation inhibitor 1-like	20.1792	0
LOC113689290	Eukaryotic translation initiation factor 4C	16.1737	0
LOC113689389	Dirigent protein	0	35.7444
LOC113689445	zinc finger protein CONSTANS-LIKE 12-like	4.90152	0
LOC113689526	LOB domain-containing protein 2-like	0	44.5165
LOC113689684	COBRA-like protein 10	1.76425	0
LOC113689752	uncharacterized protein LOC113689752	5.7579	0
LOC113689784	zinc transporter 5-like	7.12223	0
LOC113689857	uncharacterized protein LOC113689857	15.9502	0
LOC113689906	Chlorophyll a-b binding protein, chloroplastic	0	3.73586
LOC113689907	uncharacterized protein LOC113689907	520.845	0
LOC113689923	Dirigent protein	0	4.82447
LOC113689960	vegetative cell wall protein gp1-like isoform X1	0	4.99375
LOC113689984	AT-hook motif nuclear-localized protein 16	0	75.9189
LOC113690158	Potassium transporter	0	1.18077
LOC113690168	anther-specific protein LAT52-like	24.1197	0
LOC113690279	putative disease resistance protein RGA3	0	2.69434
LOC113690368	putative F-box/FBD/LRR-repeat protein At4g03220	5.80024	0
LOC113690828	protein trichome birefringence-like 31	3.49207	0
LOC113691110	tyrosine aminotransferase-like	1.94447	0

LOC113691292	ankyrin repeat-containing protein ITN1-like isoform X1	2.16075	0
LOC113691616	glucan endo-1,3-beta-glucosidase 8-like probable leucine-rich repeat receptor-like protein	2.58661	0
LOC113691651	kinase At1g35710	3.8242	0
LOC113691708	protein trichome birefringence-like 8	4.60821	0
LOC113691789	short-chain dehydrogenase reductase 2a-like	11.2612	0
LOC113691822	Purple acid phosphatase (EC 3.1.3.2)	134.961	1.51291
LOC113691867	EG45-like domain containing protein	0	6.69678
LOC113692054	probable protein phosphatase 2C 65	12.4702	0
LOC113692154	GDSL esterase/lipase At1g29670-like	0	3.35073
LOC113692516	Transcription repressor (Ovate family protein)	0	7.10069
LOC113692525	ras-related protein RABA4d	7.27812	0
LOC113692529	aldose reductase-like	0	1.98176
LOC113692592	omega-hydroxypalmitate O-feruloyl transferase-like replication protein A 70 kDa DNA-binding subunit B- like isoform X3	0	76.8313
LOC113692826	benzyl alcohol O-benzoyltransferase-like	2.61524	0
LOC113692843	benzyl alcohol O-benzoyltransferase-like	0	1.15754
LOC113692886	NAC domain-containing protein 55-like	3.74933	0
LOC113692953	tetraspanin-15-like	20.3813	0
LOC113692965	uncharacterized protein LOC113692965	7.51514	0
LOC113693396	14 kDa proline-rich protein DC2.15-like	0	82.382
LOC113693428	transcription factor bHLH19-like	16.5771	0
LOC113693635	Carboxypeptidase (EC 3.4.16.-) Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase (PPLase) (EC 5.2.1.8)	0	2.53909
LOC113693874	5.2.1.8)	0	2.16946
LOC113693894	ABC transporter G family member 34-like isoform X2	0.644442	0
LOC113694531	polygalacturonase inhibitor-like	0	9.18824
LOC113694609	uncharacterized protein LOC113694609	49974.9	37.0884
LOC113694674	EG45-like domain containing protein	0	38.8122
LOC113694751	RING-type E3 ubiquitin transferase (EC 2.3.2.27)	40.3765	0
LOC113695031	Glycosyltransferase family 92 protein (EC 2.4.1.-)	39.0165	0
LOC113695117	putative clathrin assembly protein At5g57200	1.60475	0
LOC113695215	protein DMR6-LIKE OXYGENASE 2-like	0	20.8237
LOC113695258	Aspartate aminotransferase (EC 2.6.1.1)	3.90716	0
LOC113695443	NAC domain-containing protein 2-like	0	1.65195
LOC113695602	uncharacterized protein LOC113695602	1.06823	0
LOC113695610	transcriptional regulator TAC1-like	11.1699	0
LOC113695621	Profilin	186.106	0
LOC113695690	LOW QUALITY PROTEIN: aldose reductase-like	0	2.75628
LOC113695733	uncharacterized protein LOC113695733	306.612	0
LOC113695770	fatty alcohol:caffeoyl-CoA acyltransferase-like	0	141.771
LOC113695788	ARF guanine-nucleotide exchange factor GNL2-like	0.830732	0
LOC113696035	Reticulon-like protein	70.5048	0
LOC113696054	Terpene cyclase/mutase family member (EC 5.4.99.-)	0	1.0316
LOC113696130	heme oxygenase 1, chloroplastic-like	159.169	4.53408
LOC113696550	F-box/FBD/LRR-repeat protein At5g22700-like	0	1.58131

LOC113696689	dnaI homolog subfamily B member 1-like	22.8345	0
LOC113696724	uncharacterized protein LOC113696724	5.10742	0
LOC113697800	myb-related protein 305-like	57.7686	0
LOC113697884	cactin-like	3.12711	0
LOC113698104	ras-related protein RABC1-like	14.1265	0
LOC113698354	probable aquaporin NIP-type	15.0548	0
LOC113698414	uncharacterized protein LOC113698414	1.68087	0
LOC113698601	uncharacterized protein LOC113698601 isoform X1 Protein DETOXIFICATION (Multidrug and toxic	0	3.71922
LOC113698673	compound extrusion protein)	2.85991	0
LOC113698694	zinc-finger homeodomain protein 2-like	0	8.0255
LOC113698773	uncharacterized protein LOC113698773	8.96645	0
LOC113698823	putative polyol transporter 2 Phosphoenolpyruvate carboxykinase (ATP) (EC	18.8641	0
LOC113698953	4.1.1.49)	3.3226	0
LOC113699340	basic endochitinase-like	0	11.6624
LOC113699547	type I inositol polyphosphate 5-phosphatase 5-like	2.58864	0
LOC113699963	Germin-like protein	13.0704	0
LOC113700038	serine/threonine-protein kinase SAPK7-like	12.7728	0
LOC113700113	putative glutamine amidotransferase GAT1_2.1	9.11936	0
LOC113700114	alcohol dehydrogenase-like 7	35.473	0
LOC113700185	MADS-box transcription factor 23-like isoform X1	8.4794	0
LOC113700525	uncharacterized protein LOC113700525	0	5.94808
LOC113700963	ras-related protein RABC1-like uncharacterized protein LOC113698112 isoform X2	5.38725	0
LOC113701089	(uncharacterized protein LOC113701089 isoform X2)	3.61795	0
LOC113701225	uncharacterized protein LOC113701225	36.2008	0
LOC113701270	probable aquaporin NIP-type	19.4525	0
LOC113701316	stress-induced protein KIN2-like	17.6303	0
LOC113701324	stress-induced protein KIN2-like	159.194	0
LOC113701387	geraniol 8-hydroxylase-like	0	3.48301
LOC113701431	protein PELPK1-like	0	30.9836
LOC113701449	salicylic acid-binding protein 2-like	0	2.98345
LOC113701469	FCS-Like Zinc finger 5-like	0	5.51119
LOC113701591	cytokinin hydroxylase-like	4.39935	0
LOC113701620	cytochrome P450 81E8-like	0	4.85676
LOC113701646	protein MIZU-KUSSEI 1-like	7.97591	0
LOC113701951	uncharacterized protein LOC113701951	107.638	0
LOC113701969	uncharacterized protein LOC113701969	4.18791	0
LOC113702367	auxin-responsive protein SAUR50-like	19.2512	0
LOC113702411	stress-induced protein KIN2-like	236.055	0
LOC113702449	serine/threonine-protein kinase SAPK7-like	10.6722	0
LOC113702924	premnaspirodiene oxygenase-like	0	6.3607
LOC113703332	protein ECERIFERUM 26-like	161.571	0
LOC113703389	stress-induced protein KIN2-like	802.498	0
LOC113703393	sugar carrier protein C-like	44.9769	0
LOC113703661	uncharacterized protein LOC113703661	0	2.24937

LOC113703744	ACT domain-containing protein ACR2-like	2.96517	0
LOC113703919	premnaspirodiene oxygenase-like	0	1.43765
LOC113704089	mitogen-activated protein kinase kinase 10-like	2.39686	0
LOC113704595	U-box domain-containing protein 35-like	2.24029	0
LOC113705043	AOP1 probable 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase	2.8908	0
LOC113705403	AOP1	3.89136	0
LOC113705460	uncharacterized protein LOC113705460	0	1.87363
LOC113705853	uncharacterized protein LOC113705853	8.88485	0
LOC113706092	uncharacterized protein LOC113706092	9.79978	0
LOC113706095	probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At3g47570	3.89892	0
LOC113706159	protein LATERAL ORGAN BOUNDARIES-like	3.86757	0
LOC113706327	Peroxidase (EC 1.11.1.7)	0	4.89785
LOC113706390	sugar carrier protein C-like	42.4639	0
LOC113706470	probable ADP-ribosylation factor GTPase-activating protein AGD14	0	1.49706
LOC113706605	Ubiquinol oxidase (EC 1.10.3.11)	0	2.23625
LOC113706610	uncharacterized protein LOC113706610	0	1.59783
LOC113706618	Glutamate receptor	0	0.890253
LOC113707033	ACT domain-containing protein ACR2-like	7.29169	0
LOC113708014	wall-associated receptor kinase 5-like	3.2133	0
LOC113708061	wall-associated receptor kinase-like 1	0	1.77049
LOC113708084	uncharacterized protein LOC113708084 isoform X1	0	2.50806
LOC113708241	caffeoylshikimate esterase-like	30.2763	0
LOC113708388	probable beta-D-xylosidase 5	49.8608	0
LOC113708500	quinone oxidoreductase PIG3-like isoform X2	2.78806	0
LOC113708525	subtilisin-like protease SBT5.6	0	5.07
LOC113708535	microtubule-associated protein 70-5-like	6.61024	0
LOC113708542	apyrase-like	0	3.41467
LOC113708854	uncharacterized protein LOC113708854	0.972548	0
LOC113709004	Mannan endo-1,4-beta-mannosidase (EC 3.2.1.78)	22.4329	0
LOC113709061	WRKY transcription factor SUSIBA2-like	6.03901	0
LOC113709112	protein SRG1-like	0	2.84503
LOC113709271	floral homeotic protein AGAMOUS-like	5.72209	0
LOC113709292	uncharacterized protein LOC113709292	5.70922	0
LOC113709450	protein TIFY 5A-like	22.2529	0
LOC113709659	flavonoid 3'-monooxygenase-like	0	1.73014
LOC113709677	Cytokinin riboside 5'-monophosphate phosphoribohydrolase (EC 3.2.2.n1)	0	4.84248
LOC113709802	wall-associated receptor kinase-like 1	5.32018	0
LOC113709848	F-box/LRR-repeat protein At3g26922-like	4.32804	0
LOC113709900	beta-amylase 7-like	0	6.3476
LOC113709912	cationic amino acid transporter 1-like	4.21538	0
LOC113710025	abscisic acid 8'-hydroxylase 2-like	0	4.59852
LOC113710150	uncharacterized protein LOC113710150 isoform X1	0	1.22739

LOC113710298	microtubule-associated protein 70-5-like	5.83319	0
LOC113710596	two-pore potassium channel 1-like	3.74427	0
LOC113710626	(-)-isopiperitenol/(-)-carveol dehydrogenase, mitochondrial-like	87.0483	0
LOC113710672	uncharacterized protein LOC113710672	184.368	0
LOC113710682	WRKY transcription factor SUSIBA2-like	2.97493	0
LOC113710685	Carboxypeptidase (EC 3.4.16.-)	50.4912	0
LOC113710950	Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-)	143.602	0
LOC113710970	uncharacterized protein LOC113710970	0	16.2113
LOC113710971	Germin-like protein	6.58826	0
LOC113711019	Purple acid phosphatase (EC 3.1.3.2)	16.653	0
LOC113711042	uncharacterized protein LOC113711042	7.06483	0
LOC113711172	NDR1/HIN1-like protein 13	3.34179	0
LOC113711176	1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase 3-like	0	3.54336
LOC113711189	oligopeptide transporter 4-like	1.7365	0
LOC113711345	gibberellin-regulated protein 11-like	192.719	0
LOC113711483	Dirigent protein	0	9.44319
LOC113711501	metal transporter Nramp5-like	2.40503	0
LOC113711512	cyclic nucleotide-gated ion channel 18-like	1.65186	0
LOC113711514	uncharacterized protein LOC113711514	10.2123	0
LOC113711570	L-type lectin-domain containing receptor kinase S.6-like	0	1.79403
LOC113711622	protein BEARSKIN2	34.4681	0
LOC113711720	abscisic stress-ripening protein 3-like	200.065	0
LOC113711784	uncharacterized protein LOC113711784	0	5.16315
LOC113711798	V-type proton ATPase subunit G	17.3627	0
LOC113711798	V-type proton ATPase subunit G	56.062	0
LOC113711812	uncharacterized protein LOC113711812	0	11.9079
LOC113711915	uncharacterized protein LOC113711915	11.1518	0
LOC113712052	Mannan endo-1,4-beta-mannosidase (EC 3.2.1.78)	2.59594	0
LOC113712589	cytochrome P450 734A1-like	0	4.41774
LOC113712616	probable beta-D-xylosidase 5	6.73274	0
LOC113712624	ABSCISIC ACID-INSENSITIVE 5-like protein 3	18.0441	0
LOC113713061	miraculin-like	0	5.74121
LOC113713236	CDGSH iron-sulfur domain-containing protein NEET-like isoform X1	27.6397	0
LOC113713351	uncharacterized protein LOC113713351	6.61329	0
LOC113713383	dof zinc finger protein DOF3.5-like	7.77696	0
LOC113713393	pollen-specific leucine-rich repeat extensin-like protein 3	1.3209	0
LOC113713564	uncharacterized protein LOC113713564	0	4.56196
LOC113713679	1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase 5-like	0	56.9137
LOC113713893	putative 12-oxophytodienoate reductase 11	0	31.9411
LOC113713903	protein NRT1/ PTR FAMILY 5.10-like	3.26348	0
LOC113714170	cyclic nucleotide-gated ion channel 18-like	2.53701	0
LOC113714221	L-type lectin-domain containing receptor kinase S.6-like	0	2.30345

LOC113714248	UPF0496 protein At1g20180-like	4.23727	0
LOC113714293	protein BEARSKIN2-like	6.58531	0
LOC113714341	V-type proton ATPase subunit G	43.0567	0
LOC113714667	Protein DETOXIFICATION (Multidrug and toxic compound extrusion protein)	0	2.37732
LOC113715008	probable beta-D-xylosidase 5	30.466	0
LOC113715009	probable beta-D-xylosidase 5 non-specific lipid-transfer protein-like protein	24.6051	0
LOC113715010	At5g64080	100.354	0
LOC113715015	ABSCISIC ACID-INSENSITIVE 5-like protein 3	9.45471	0
LOC113715065	NDR1/HIN1-like protein 13	10.0744	0
LOC113715069	1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase 3-like	0	6.06389
LOC113715466	Sulfotransferase (EC 2.8.2.-)	6.56133	0
LOC113715489	L-gulonolactone oxidase (EC 1.1.3.8)	123.55	0
LOC113715666	probable disease resistance protein RF45	0	1.1364
LOC113715671	uncharacterized protein LOC113715671	2.50243	0
LOC113716135	receptor-like protein EIX2	5.07401	0
LOC113716236	cytochrome b5-like	0	4.22891
LOC113716320	probable RNA helicase SDE3	0	1.23128
LOC113716348	probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At3g47570	0.969126	0
LOC113716577	thaumatin-like protein isoform X2	0	6.43253
LOC113716597	WAT1-related protein	0	1.93559
LOC113717082	bidirectional sugar transporter SWEET7-like	12.9037	0
LOC113717591	Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-)	14.9366	0
LOC113717660	MLP-like protein 28	0	9.51843
LOC113718006	Receptor-like serine/threonine-protein kinase (EC 2.7.11.1)	0	1.68682
LOC113718438	putative clathrin assembly protein At2g25430	4.19368	0
LOC113718467	putative clathrin assembly protein At2g25430	0	8.06913
LOC113718483	uncharacterized protein LOC113718483	0	3.65848
LOC113718864	Flotillin-like	3.51426	0
LOC113718915	tropinone reductase-like 1	0	2.78068
LOC113719228	LOW QUALITY PROTEIN: PHD finger protein MALE STERILITY 1	0	31.7323
LOC113719325	Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-)	16.8939	0
LOC113719521	disease resistance protein RPM1-like	0	1.02445
LOC113720342	LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase ERL2	0	3.8893
LOC113720501	transcription factor MYB46-like	2.73316	0
LOC113720567	probable transcription factor At5g61620	3.95747	0
LOC113720573	uncharacterized protein LOC113720573	104.717	0
LOC113720649	UDP-xylose transporter 1-like	2.68917	0
LOC113720801	alcohol dehydrogenase-like 7	27.2218	0
LOC113720987	Dehydration-responsive element-binding protein 1D (dehydration-responsive element-binding protein 1B-like)	0	2.87459
LOC113721560	RING-H2 finger protein ATL70-like	4.61557	0



LOC113722052	ethylene-responsive transcription factor ERF091-like	21.4493	0
LOC113722845	oleosin 16.4 kDa-like	0	6.16911
LOC113722996	cytochrome P450 76AD1-like	0	3.59392
LOC113723038	L-type lectin-domain containing receptor kinase IV.1-like	4.07584	0
LOC113723049	L-type lectin-domain containing receptor kinase IV.1-like	2.61142	0
LOC113723120	transcription factor MYB35-like	0	5.91166
LOC113723715	LOB domain-containing protein 30-like	3.11266	0
LOC113723736	caffeic acid 3-O-methyltransferase 1-like	0	8.65431
LOC113723765	Chalcone synthase (EC 2.3.1.74)	0	251.655
LOC113723854	serpin-ZX-like	5.29643	0
LOC113723870	alpha-farnesene synthase-like	8.73538	0
LOC113723977	uncharacterized protein LOC113723977	29.4691	0
LOC113724142	aspartic proteinase CDR1-like	0	8.68547
LOC113724174	keratin, type I cytoskeletal 9-like	0	4.15231
LOC113724477	glucan endo-1,3-beta-glucosidase-like	67.1841	0
LOC113724519	uncharacterized protein LOC113724519	83.8973	0
LOC113724526	late embryogenesis abundant protein 47-like	64.5526	0
LOC113724562	putative leucine-rich repeat receptor-like serine/threonine-protein kinase At2g24130	6.01689	0
LOC113724578	serine/threonine-protein kinase HT1-like	5.80858	0
LOC113724598	Hexosyltransferase (EC 2.4.1.-)	0	6.19752
LOC113724642	uncharacterized protein LOC113724642	181.254	0
LOC113724697	protein O-glucosyltransferase 1-like	4.42338	0
LOC113724736	late embryogenesis abundant protein 6-like	409.266	0
LOC113725728	bark storage protein A-like	0	3.94508
LOC113725901	equilibrative nucleotide transporter 3-like	105.714	0
LOC113726123	berberine bridge enzyme-like 24	2.51753	0
LOC113726231	probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At1g53420	0.892301	0
LOC113727055	Receptor-like serine/threonine-protein kinase (EC 2.7.11.1)	0	3.32114
LOC113727108	protein STRICTOSIDINE SYNTHASE-LIKE 2-like isoform X1	0	2.4849
LOC113727503	2-oxoglutarate-dependent dioxygenase AOP2-like isoform X1	0	2.5313
LOC113727525	uncharacterized protein LOC113727525	0	2.9143
LOC113727733	Pectinesterase (EC 3.1.1.11)	26.9752	0
LOC113727816	probable glycerol-3-phosphate acyltransferase 3	0	1.82429
LOC113727935	LOB domain-containing protein 30-like	4.46572	0
LOC113728464	protein NUCLEAR FUSION DEFECTIVE 4-like	1.89054	0
LOC113728519	serpin-ZXA-like	3.03528	0
LOC113728545	ras-related protein Rab2BV-like	11.7269	0
LOC113728574	Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-)	0	95.0863
LOC113728631	uncharacterized protein LOC113728631	2.82476	0
LOC113728732	zinc finger protein ZAT4-like	2.28558	0

LOC113728750	ABC transporter G family member 11-like	23.4937	0
LOC113728809	aspartic proteinase CDR1-like	0	25.9
LOC113728891	protein STRICTOSIDINE SYNTHASE-LIKE 10-like	4.08593	0
LOC113728981	uncharacterized protein LOC113728981	21.8398	0
LOC113729306	uncharacterized protein LOC113729306	51.9501	0
LOC113729316	late embryogenesis abundant protein 47-like putative leucine-rich repeat receptor-like	100.423	0
LOC113729375	serine/threonine-protein kinase At2g24130	3.48256	0
LOC113729449	histidine kinase CKI1-like	2.49087	0
LOC113729496	protein O-glucosyltransferase 1-like L-type lectin-domain containing receptor kinase IV.1- like	12.0409	0
LOC113729564	like	1.1614	0
LOC113729618	ethylene-responsive transcription factor ERF091-like	4.62456	0
LOC113729638	Glutamate receptor	1.78002	0
LOC113729653	uncharacterized protein LOC113729653	610.952	0
LOC113729663	uncharacterized protein LOC113729663	0	2.40221
LOC113729673	Bidirectional sugar transporter SWEET	3.85066	0
LOC113729683	uncharacterized protein At2g34160-like	6.67708	0
LOC113729692	RING-H2 finger protein ATL70-like	12.4384	0
LOC113729724	Chalcone synthase (EC 2.3.1.74)	0	275.871
LOC113729743	protein TIFY 5A-like	128.671	0
LOC113729764	arabinogalactan protein 23-like	18.3773	0
LOC113729766	arabinogalactan protein 23-like	89.7746	0
LOC113729768	uncharacterized protein LOC113729768	40.7998	0
LOC113729770	late embryogenesis abundant protein 6-like	625.043	0
LOC113730349	mavicyanin-like protein LIGHT-DEPENDENT SHORT HYPOCOTYLS 1- like	7.42414	0
LOC113730601	like	0	2.62403
LOC113730837	gibberellin 2-beta-dioxygenase 8-like	0	2.91689
LOC113731042	GDSL esterase/lipase At1g28580-like	6.37908	0
LOC113731239	Beta-galactosidase (EC 3.2.1.23)	0	6.38668
LOC113731669	tobamovirus multiplication protein 1-like probable 3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase-like	4.13332	0
LOC113731858	2, mitochondrial Receptor-like serine/threonine-protein kinase (EC 2.7.11.1)	90.155	2.2283
LOC113732214	Non-specific serine/threonine protein kinase (EC 2.7.11.1)	0	1.36364
LOC113732345	2.7.11.1)	51.7115	0
LOC113732902	Pectinesterase (EC 3.1.1.11)	10.9092	0
LOC113733474	pleiotropic drug resistance protein 2-like isoform X1	0.839456	0
LOC113733478	Aspergillus nuclease S(1) (EC 3.1.30.1)	188.666	0
LOC113733699	desiccation-related protein PCC13-62-like	0	3.14781
LOC113733720	uncharacterized protein LOC113733720 9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase NCED6, chloroplastic-like	4.79606	0
LOC113733730	chloroplastic-like	0	5.45181
LOC113733750	polygalacturonase-like	6.61172	0
LOC113733767	Pectinesterase (EC 3.1.1.11)	26.6403	0

LOC113733769	Pectinesterase (EC 3.1.1.11)	16.4356	0
LOC113734405	protein ROOT HAIR DEFECTIVE 3-like	1.70111	0
LOC113734721	glycine-rich protein 23-like	0	5.53245
LOC113734890	phosphate transporter PHO1-like	19.0744	0
LOC113735012	endochitinase EP3-like	0	4.4052
LOC113735279	rho GDP-dissociation inhibitor 1-like	4.85828	0
LOC113735282	cytochrome P450 705A5-like	0	1.75016
LOC113735390	glycolipid transfer protein 1-like	13.2956	0
LOC113735498	uncharacterized protein LOC113735498	0	2.64611
LOC113735533	probable glucan endo-1,3-beta-glucosidase A6	0	14.3816
LOC113735540	ATP-dependent DNA helicase (EC 3.6.4.12)	2.57823	0
LOC113735995	F-box/kelch-repeat protein At3g23880-like	10.5934	0
LOC113736085	rho GDP-dissociation inhibitor 1-like	3.88684	0
LOC113736194	monothiol glutaredoxin-S4	9.38627	0
LOC113736397	9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase NCED6, chloroplastic-like	0	2.48535
LOC113736907	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase (EC 1.1.1.95)	11.7625	0
LOC113737203	RING-type E3 ubiquitin transferase (EC 2.3.2.27)	3.66813	0
LOC113737213	uncharacterized protein LOC113737213	18.3616	0
LOC113737231	late embryogenesis abundant protein 1-like	73.6162	0
LOC113737247	Pectinesterase (EC 3.1.1.11)	5.82542	0
LOC113737312	probable glucan endo-1,3-beta-glucosidase A6 LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase	0	12.7875
LOC113737522	ERECTA	0	14.1043
LOC113737804	CYC02 protein-like	0	7.77928
LOC113737809	probable glucan endo-1,3-beta-glucosidase A6	0	43.3869
LOC113737825	cytochrome P450 705A5-like	0	1.63238
LOC113737878	protein GAMETE EXPRESSED 2-like	0.973229	0
LOC113737968	uncharacterized protein LOC113737968	6.82711	0
LOC113738452	F-box protein At4g22280-like	2.32919	0
LOC113738688	probable cyclic nucleotide-gated ion channel 16	2.03254	0
LOC113738729	Aldose 1-epimerase (EC 5.1.3.3)	6.40902	0
LOC113738869	rab escort protein 1-like	0	0.380316
LOC113738902	cytochrome P450 94B3-like	1.98847	0
LOC113738922	non-specific lipid-transfer protein 1-like	54.1561	0
LOC113739185	UDP-glycosyltransferase 83A1-like	2.77937	0
LOC113739299	(-)-germacrene D synthase-like	3.10855	0
LOC113739349	protein NRT1/ PTR FAMILY 2.8-like	3.9198	0
LOC113739350	LOB domain-containing protein 27-like	2.75121	0
LOC113739486	protein NRT1/ PTR FAMILY 2.10-like isoform X1	3.1965	0
LOC113739516	protein MIZU-KUSSEI 1-like	7.41351	0
LOC113739637	uncharacterized protein LOC113739637	9.54742	0
LOC113740123	VQ motif-containing protein 20-like	12.8394	0
LOC113740612	early nodulin-like protein 1	140.37	0
LOC113740681	Bidirectional sugar transporter SWEET	0	132.004
LOC113740988	UDP-glycosyltransferase 83A1-like	2.66468	0

LOC113741113	probable serine/threonine-protein kinase PBL18	4.32701	0
LOC113741128	protein NRT1/ PTR FAMILY 2.8-like	4.20897	0
LOC113741134	LOB domain-containing protein 27-like	9.26605	0
LOC113741257	uncharacterized protein LOC113741257	0	4.22221
LOC113741370	lipid transfer-like protein VAS isoform X2	527.112	0
LOC113741412	uncharacterized protein LOC113741412	4.80494	0
LOC113741492	lipid phosphate phosphatase 2-like two-component response regulator-like PRR1	4.18383	0
LOC113741524	isoform X1	3.88083	0
LOC113741660	(-)-germacrene D synthase-like	7.28746	0
LOC113742021	Kinesin-like protein	1.29897	0
LOC113742076	polygalacturonase 1 beta-like protein 3	0	1.47075
LOC113742111	late embryogenesis abundant protein 37-like	49.1401	0
LOC113742119	methylecgonone reductase-like	2.84324	0
LOC113742390	mavicyanin-like	50.4825	0
LOC113742428	mavicyanin-like	62.7164	0
LOC113742479	uncharacterized protein LOC113742479	14.7388	0
LOC113742496	VQ motif-containing protein 20-like	24.7457	0
LOC113743056	uncharacterized protein LOC113743056	4.80347	0
LOC113743237	Peroxidase (EC 1.11.1.7) DNA-directed RNA polymerase subunit beta (EC	0	2.54587
LOC113743312	2.7.7.6) NADH:ubiquinone reductase (non-electrogenic) (EC	1.34216	0
LOC113743483	1.6.5.9) ABC transporter G family member 26 (ABC	2.39471	0
LOC113743601	transporter G family member 26-like)	0	7.87963
LOC113743657	ABC transporter G family member 10-like	1.39357	0
LOC113743665	receptor-like protein kinase ANXUR1	2.09146	0
LOC113687910	#N/D	0	2.34363
LOC113691730	putative defensin-like protein 271	20.6304	0
LOC113692371	#N/D	4.55286	0
LOC113699050	#N/D	2.8557	0
LOC113703313	#N/D	5.84706	0
LOC113703545	#N/D	2.58045	0
LOC113706762	#N/D	0	9.06766
LOC113708707	uncharacterized protein LOC113708707 isoform X3	2.82804	0
LOC113718974	#N/D	6.2825	0
LOC113728166	#N/D	71.2859	0
LOC113728225	#N/D	6.35543	0
LOC113729563	#N/D	10.0393	0
LOC113732003	#N/D	4.8881	0

**Anexo E** – Genes diferencialmente expressos identificados entre a comparação da região apical com irrigação e região apical sem irrigação.

GENES	PROTEÍNAS	FPKM - MEDIAL IRRIGADA	FPKM - MEDIAL NÃO IRRIGADA
LOC113688270	#N/D	62.7526	0
LOC113691012	#N/D	5.2785	0
LOC113705013	#N/D	81.6201	0
LOC113706249	#N/D	0	3.61698
LOC113706251	#N/D	7.83981	0
LOC113716446	#N/D	0	6.48999
LOC113722655	#N/D	6.88904	0
LOC113722743	#N/D	0	15.1055
LOC113723104	#N/D	26.5693	0
LOC113725754	#N/D	3.28633	0
LOC113687230	rho GDP-dissociation inhibitor 1-like	51.4438	0
LOC113687700	early nodulin-like protein 1	90.7931	0
LOC113687938	1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase 1-like	11.4374	0
LOC113688860	probable glycosyltransferase At3g07620	5.74377	0
LOC113688903	protein CUP-SHAPED COTYLEDON 2	0	3.15036
LOC113689084	calcium-dependent protein kinase 17-like	4.66595	0
LOC113689261	rho GDP-dissociation inhibitor 1-like	30.0536	0
LOC113689389	Dirigent protein	0	18.8756
LOC113689635	senescence-specific cysteine protease SAG39-like	80.0648	0
LOC113689684	COBRA-like protein 10	4.01066	0
LOC113689857	uncharacterized protein LOC113689857	20.213	0
LOC113689981	anther-specific protein LAT52-like	28.4198	0
LOC113690130	olee1-like protein	65.8421	0
LOC113690168	anther-specific protein LAT52-like	19.285	0
LOC113690262	protein RALF-like 22	130.613	0
LOC113690368	putative F-box/FBD/LRR-repeat protein At4g03220	10.7358	0
LOC113690675	F-box/kelch-repeat protein At3g06240-like	6.42502	0
LOC113691335	uncharacterized protein At4g15970-like	4.58394	0
LOC113691410	Pectinesterase (EC 3.1.1.11)	134.978	0
LOC113691438	MDIS1-interacting receptor like kinase 2-like	5.35189	0
LOC113691570	Pectinesterase (EC 3.1.1.11)	7.25156	0
LOC113691608	Glycosyltransferase family 92 protein (EC 2.4.1.-) probable leucine-rich repeat receptor-like protein	27.5157	0
LOC113691651	kinase At1g35710	3.73359	0
LOC113691693	polygalacturonase inhibitor-like	0	6.10082
LOC113691789	short-chain dehydrogenase reductase 2a-like	10.0593	0
LOC113691929	F-box protein At3g07870-like	2.74084	0
LOC113691978	Xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase (EC 2.4.1.207)	0	7.81698
LOC113692012	ubiquitin-conjugating enzyme E2 14-like	4.19172	0
LOC113692025	protein STRICTOSIDINE SYNTHASE-LIKE 10-like	109.157	0
LOC113692407	ARF guanine-nucleotide exchange factor GNL2-like	1.89359	0
LOC113692516	Transcription repressor (Ovate family protein)	0	5.10814

LOC113692886	NAC domain-containing protein 55-like	3.85625	0
LOC113692964	uncharacterized protein LOC113692964	15.1322	0
LOC113692965	uncharacterized protein LOC113692965	17.9016	0
LOC113693367	cytochrome P450 71A1-like	5.42447	0
LOC113693396	14 kDa proline-rich protein DC2.15-like	0	28.6319
LOC113693428	transcription factor bHLH19-like	14.7413	0
LOC113693637	Beta-galactosidase (EC 3.2.1.23)	118.111	0
LOC113694751	RING-type E3 ubiquitin transferase (EC 2.3.2.27)	39.7513	0
LOC113694831	uncharacterized protein LOC113694831 isoform X2	8.12936	0
LOC113694874	MDIS1-interacting receptor like kinase 2-like	13.1528	0
LOC113694988	protein trichome birefringence-like 34 isoform X1 protein STRICTOSIDINE SYNTHASE-LIKE 10-like	4.35687	0
LOC113695004	isoform X1	12.7366	0
LOC113695031	Glycosyltransferase family 92 protein (EC 2.4.1.-)	42.2382	0
LOC113695094	glutaredoxin-C9-like Laccase (EC 1.10.3.2) (Benzenediol:oxygen oxidoreductase) (Diphenol oxidase) (Urishiol oxidase)	0	13.7037
LOC113695158	oxidase)	8.85501	0
LOC113695215	protein DMR6-LIKE OXYGENASE 2-like	0	18.8754
LOC113695258	Aspartate aminotransferase (EC 2.6.1.1)	5.04249	0
LOC113695596	probable protein phosphatase 2C 65	5.97906	0
LOC113695610	transcriptional regulator TAC1-like	14.0395	0
LOC113695621	Profilin	262.193	0
LOC113695777	uncharacterized protein At4g15970-like isoform X3	4.79004	0
LOC113695788	ARF guanine-nucleotide exchange factor GNL2-like	1.28218	0
LOC113696573	uncharacterized protein LOC113696573	12.6811	0
LOC113696689	dnaj homolog subfamily B member 1-like	37.1965	0
LOC113697462	Glutathione transferase (EC 2.5.1.18)	0	4.18357
LOC113697515	auxin-responsive protein SAUR50	21.0084	0
LOC113697800	myb-related protein 305-like	53.519	0
LOC113697884	cactin-like	3.21557	0
LOC113697895	UDP-arabinopyranose mutase (EC 5.4.99.30)	94.1153	0
LOC113697962	uncharacterized protein LOC113697962	33.7005	0
LOC113698104	ras-related protein RABC1-like	11.6259	0
LOC113698277	probable polyol transporter 6	1.76844	0
LOC113698342	golgin subfamily A member 6-like protein 22	32.1863	0
LOC113698354	probable aquaporin NIP-type zinc finger CCCH domain-containing protein 9-like	12.6763	0
LOC113698519	isoform X2	9.98243	0
LOC113698590	ethylene-responsive transcription factor 1B-like probable indole-3-acetic acid-amido synthetase	0	6.24722
LOC113698609	GH3.1	0	2.36092
LOC113698648	cytokinin hydroxylase-like Protein DETOXIFICATION (Multidrug and toxic	12.617	0
LOC113698673	compound extrusion protein)	2.5795	0
LOC113698694	zinc-finger homeodomain protein 2-like	0	10.5119
LOC113698773	uncharacterized protein LOC113698773	18.3863	0

LOC113699446	uncharacterized protein LOC113699446	46.7461	0
LOC113700038	serine/threonine-protein kinase SAPK7-like	10.7033	0
LOC113700113	putative glutamine amidotransferase GAT1_2.1	16.3654	0
LOC113700114	alcohol dehydrogenase-like 7	27.4616	0
LOC113700544	F-box/kelch-repeat protein At3g23880-like lysosomal amino acid transporter 1 homolog isoform	4.07289	0
LOC113701017	X2	6.68138	0
LOC113701225	uncharacterized protein LOC113701225	52.5051	0
LOC113701312	AAA-ATPase ASD, mitochondrial-like	0	1.98233
LOC113701316	stress-induced protein KIN2-like	106.823	0
LOC113701319	aspartic proteinase nepenthesin-1-like	156.795	0
LOC113701324	stress-induced protein KIN2-like	150.561	0
LOC113701431	protein PELPK1-like Protein DETOXIFICATION (Multidrug and toxic	0	18.1258
LOC113701515	compound extrusion protein)	0	3.78878
LOC113701591	cytokinin hydroxylase-like	5.73403	0
LOC113701593	PLAT domain-containing protein 3-like	7.09853	0
LOC113701620	cytochrome P450 81E8-like	0	4.41384
LOC113702367	auxin-responsive protein SAUR50-like	51.2521	0
LOC113702411	stress-induced protein KIN2-like	212.102	0
LOC113702449	serine/threonine-protein kinase SAPK7-like peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP95-like	10.0885	0
LOC113702894	isoform X2	9.16681	0
LOC113703304	uncharacterized protein LOC113703304	16.8686	0
LOC113703332	protein ECERIFERUM 26-like	46.4867	0
LOC113703389	stress-induced protein KIN2-like	784.535	0
LOC113703393	sugar carrier protein C-like	71.3984	0
LOC113706092	uncharacterized protein LOC113706092	12.0349	0
LOC113706170	receptor-like protein Cf-9 homolog	2.01912	0
LOC113706359	uncharacterized protein LOC113706359	13.5113	0
LOC113706386	stress-induced protein KIN2-like	1091.23	0
LOC113706390	sugar carrier protein C-like	69.4079	0
LOC113706859	mitogen-activated protein kinase kinase 10-like	3.2688	0
LOC113707033	ACT domain-containing protein ACR2-like	9.32263	0
LOC113707665	uncharacterized protein LOC113707665	46.9465	0
LOC113707852	dihydroceramide fatty acyl 2-hydroxylase FAH1-like	28.2092	0
LOC113707954	uncharacterized protein LOC113707954	35.279	0
LOC113708169	fe(2+) transport protein 1-like	5.56726	0
LOC113708525	subtilisin-like protease SBT5.6	0	1.76371
LOC113708535	microtubule-associated protein 70-5-like	7.58445	0
LOC113709014	Pectate lyase (EC 4.2.2.2)	0	4.19682
LOC113709004	Mannan endo-1,4-beta-mannosidase (EC 3.2.1.78)	56.4332	0
LOC113709292	uncharacterized protein LOC113709292	11.7507	0
LOC113709360	fe(2+) transport protein 1-like	16.2117	0
LOC113709450	protein TIFY 5A-like	28.103	0
LOC113709463	dihydroceramide fatty acyl 2-hydroxylase FAH1-like	7.13998	0
LOC113709646	protein EXORDIUM-like	3.58742	0

LOC113709677	Cytokinin riboside 5'-monophosphate phosphoribohydrolase (EC 3.2.2.n1)	0	4.35898
LOC113709732	quinone oxidoreductase PIG3-like	4.47427	0
LOC113709802	wall-associated receptor kinase-like 1	5.00421	0
LOC113709848	F-box/LRR-repeat protein At3g26922-like	3.91498	0
LOC113709896	caffeoylshikimate esterase-like	81.2147	0
LOC113709900	beta-amylase 7-like	0	11.4702
LOC113709912	cationic amino acid transporter 1-like	4.85522	0
LOC113710025	abscisic acid 8'-hydroxylase 2-like	0	6.34592
LOC113710142	Mechanosensitive ion channel protein	5.30257	0
LOC113710298	microtubule-associated protein 70-5-like	6.66218	0
LOC113710627	uncharacterized protein LOC113710627	24.2987	0
LOC113710674	uncharacterized protein LOC113710674	4.23873	0
LOC113710867	quinone oxidoreductase-like isoform X1	7.01592	0
LOC113710970	uncharacterized protein LOC113710970	0	11.5281
LOC113711031	uncharacterized protein LOC113711031	0	10.5976
LOC113711042	uncharacterized protein LOC113711042	7.23432	0
LOC113711501	metal transporter Nramp5-like	3.49278	0
LOC113711622	protein BEARSKIN2	46.924	0
LOC113711720	abscisic stress-ripening protein 3-like	253.141	0
LOC113711798	V-type proton ATPase subunit G	36.1021	0
LOC113712529	lysophospholipid acyltransferase LPEAT1-like isoform X4	0	7.9906
LOC113712616	probable beta-D-xylosidase 5	11.4425	0
LOC113712624	ABSCISIC ACID-INSENSITIVE 5-like protein 3	14.89	0
LOC113712654	RING-type E3 ubiquitin transferase (EC 2.3.2.27)	6.13547	0
LOC113713236	CDGSH iron-sulfur domain-containing protein NEET-like isoform X1	25.1834	0
LOC113713351	uncharacterized protein LOC113713351	11.7888	0
LOC113713502	Mannan endo-1,4-beta-mannosidase (EC 3.2.1.78)	11.8307	0
LOC113713679	1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase 5-like	0	76.742
LOC113713893	putative 12-oxophytodienoate reductase 11	0	7.50634
LOC113714057	gibberellin-regulated protein 11-like	259.875	0
LOC113714248	UPF0496 protein At1g20180-like	5.32762	0
LOC113714342	Mannan endo-1,4-beta-mannosidase (EC 3.2.1.78)	22.5143	0
LOC113715008	probable beta-D-xylosidase 5	46.8295	0
LOC113715009	probable beta-D-xylosidase 5	27.0207	0
LOC113715015	ABSCISIC ACID-INSENSITIVE 5-like protein 3	8.79022	0
LOC113715069	1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase 3-like	0	3.75301
LOC113715489	L-gulonolactone oxidase (EC 1.1.3.8)	111.336	0
LOC113715515	thaumatin-like protein	0	7.11099
LOC113715751	probable inactive receptor kinase At1g48480	3.01279	0
LOC113715773	MLP-like protein 34	0	8.26363
LOC113716135	receptor-like protein EIX2	6.61853	0
LOC113716227	uncharacterized protein LOC113716227	43.4362	0
LOC113716372	Ninja-family protein (ABI-binding protein)	0	3.75109
LOC113716567	glucan endo-1,3-beta-glucosidase 13-like	13.0325	0



LOW QUALITY PROTEIN: uncharacterized protein			
LOC113717032	LOC113717032	7.61438	0
LOC113717591	Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-)	19.2958	0
LOC113717638	probable inactive receptor kinase At1g48480	7.62455	0
LOC113717710	VQ motif-containing protein 8, chloroplastic-like probable serine/threonine-protein kinase PBL17	6.50719	0
LOC113717717	isoform X1	3.76691	0
LOC113718621	Pectate lyase (EC 4.2.2.2)	5.05097	0
LOC113718651	anther-specific protein BCP1-like	587.731	0
LOC113718661	Exocyst subunit Exo70 family protein	4.8387	0
LOC113718864	Flotillin-like	4.94312	0
LOC113719325	Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-) LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase	17.6137	0
LOC113720342	ERL2	0	3.82197
LOC113720573	uncharacterized protein LOC113720573	144.018	0
LOC113721560	RING-H2 finger protein ATL70-like	5.42571	0
LOC113722052	ethylene-responsive transcription factor ERF091-like	13.1779	0
LOC113722540	fasciclin-like arabinogalactan protein 3	122.747	0
LOC113722605	vacuolar iron transporter homolog 4-like	11.7314	0
LOC113722833	uncharacterized protein LOC113722833	8.96252	0
LOC113723038	L-type lectin-domain containing receptor kinase IV.1- like	6.6709	0
LOC113723049	L-type lectin-domain containing receptor kinase IV.1- like	4.23943	0
LOC113723122	Pectate lyase (EC 4.2.2.2)	50.8299	0
LOC113723510	uncharacterized protein At2g34160-like	26.5414	0
LOC113723717	Pectinesterase (EC 3.1.1.11)	46.303	0
LOC113723766	Mannan endo-1,4-beta-mannosidase (EC 3.2.1.78)	22.192	0
LOC113723854	serpin-ZX-like	7.52851	0
LOC113723870	alpha-farnesene synthase-like	2.44935	0
LOC113723977	uncharacterized protein LOC113723977	29.3008	0
LOC113724014	putative pumilio homolog 8, chloroplastic	2.51214	0
LOC113724174	keratin, type I cytoskeletal 9-like	0	3.14527
LOC113724237	Carboxypeptidase (EC 3.4.16.-)	3.71727	0
LOC113724519	uncharacterized protein LOC113724519	152.217	0
LOC113724526	late embryogenesis abundant protein 47-like	45.9129	0
LOC113724537	acyltransferase-like protein At1g54570, chloroplastic	21.2112	0
LOC113724578	serine/threonine-protein kinase HT1-like	13.6726	0
LOC113724640	transcription factor bHLH52-like	5.72278	0
LOC113724697	protein O-glucosyltransferase 1-like	4.69943	0
LOC113724874	uncharacterized protein At4g00950-like	0	11.7309
LOC113725085	uncharacterized protein LOC113725085	28.3253	0
LOC113725680	copper transport protein ATX1-like (-)-isopiperitenol/(-)-carveol dehydrogenase, mitochondrial-like	0	62.7454
LOC113726054	mitochondrial-like	13.1266	0
LOC113726530	pathogenesis-related protein 1A-like	0	5.67092
LOC113726873	non-specific lipid-transfer protein A-like	13.9957	0

LOC113727055	Receptor-like serine/threonine-protein kinase (EC 2.7.11.1)	0	3.62743
LOC113727351	Glutamate dehydrogenase	2.93704	0
LOC113727568	sugar transporter ERD6-like 8	3.34222	0
LOC113727733	Pectinesterase (EC 3.1.1.11)	27.715	0
LOC113727935	LOB domain-containing protein 30-like	6.46503	0
LOC113728464	protein NUCLEAR FUSION DEFECTIVE 4-like	2.61303	0
LOC113728519	serpin-ZXA-like	5.01438	0
LOC113728679	putative pumilio homolog 8, chloroplastic	3.38997	0
LOC113728686	Magnesium transporter	0	6.62699
LOC113728981	uncharacterized protein LOC113728981	26.33	0
LOC113729282	LOW QUALITY PROTEIN: abscisic acid 8'-hydroxylase 2-like	0	7.27556
LOC113729306	uncharacterized protein LOC113729306	61.8298	0
LOC113729427	aquaporin TIP1-3-like	218.788	0
LOC113729449	histidine kinase CKI1-like	5.28083	0
LOC113729496	protein O-glucosyltransferase 1-like	10.7265	0
LOC113729516	pathogenesis-related protein 1C-like	18.295	0
LOC113729647	Pectinesterase (EC 3.1.1.11)	55.4166	0
LOC113729672	LIM domain-containing protein PLIM2c-like	34.072	0
LOC113729689	LOB domain-containing protein 20-like	164.09	0
LOC113729692	RING-H2 finger protein ATL70-like	7.34925	0
LOC113730888	transcription factor MYB102-like	0	3.95904
LOC113731013	ras-related protein RABA1f-like	12.6712	0
LOC113732345	Non-specific serine/threonine protein kinase (EC 2.7.11.1)	54.8252	0
LOC113732667	probable (S)-N-methylcoclaurine 3'-hydroxylase isozyme 2	2.80219	0
LOC113732725	probable carboxylesterase 12	0	4.49998
LOC113732902	Pectinesterase (EC 3.1.1.11)	9.12927	0
LOC113733058	uncharacterized protein LOC113733058	18.88	0
LOC113733440	WRKY DNA-binding transcription factor 70-like	0	5.12621
LOC113733693	Pyruvate decarboxylase (EC 4.1.1.1)	2.99326	0
LOC113733737	desiccation-related protein PCC13-62-like	58.7285	0
LOC113733767	Pectinesterase (EC 3.1.1.11)	20.3855	0
LOC113733769	Pectinesterase (EC 3.1.1.11)	11.7467	0
LOC113734311	RING-H2 finger protein ATL16	0	5.8448
LOC113734890	phosphate transporter PHO1-like	13.2869	0
LOC113735030	Terpene cyclase/mutase family member (EC 5.4.99.-)	0	2.04493
LOC113735282	cytochrome P450 705A5-like	0	2.61859
LOC113735359	DELLA protein RGL3-like	14.5227	0
LOC113735502	F-box/kelch-repeat protein At3g23880-like	5.13231	0
LOC113735533	probable glucan endo-1,3-beta-glucosidase A6	0	9.92063
LOC113736085	rho GDP-dissociation inhibitor 1-like	5.92396	0
LOC113736099	peroxygenase-like	32.2616	0
LOC113736288	Peroxiredoxin (EC 1.11.1.24)	0	5.51328
LOC113736397	9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase NCED6,	0	2.50385

	chloroplastic-like		
LOC113736679	Pectinesterase (EC 3.1.1.11)	46.2307	0
LOC113736713	protein NRT1/ PTR FAMILY 7.1-like	13.8295	0
LOC113736946	uncharacterized protein LOC113736946	9.82772	0
LOC113737190	2-hydroxyisoflavanone dehydratase-like	3.8998	0
LOC113737231	late embryogenesis abundant protein 1-like	81.9039	0
LOC113737239	cation/H(+) antiporter 15-like	4.02556	0
	LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase		
LOC113737522	ERECTA	0	10.1626
LOC113737769	late embryogenesis abundant protein 1-like	534.016	0
LOC113737804	CYC02 protein-like	0	7.03962
LOC113738439	aldehyde oxidase GLOX-like	2.69019	0
LOC113738729	Aldose 1-epimerase (EC 5.1.3.3)	10.7875	0
LOC113738746	mavicyanin-like	425.222	0
LOC113738793	Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-)	0	3.06617
LOC113738892	Bidirectional sugar transporter SWEET	20.0879	0
LOC113739212	NAC domain-containing protein 55-like	3.44462	0
LOC113739349	protein NRT1/ PTR FAMILY 2.8-like	7.11281	0
	dormancy-associated protein homolog 4-like isoform		
LOC113739494	X3	0	10.7741
LOC113740123	VQ motif-containing protein 20-like	16.9133	0
LOC113740130	protein YLS3-like	0	27.2199
LOC113741134	LOB domain-containing protein 27-like	7.70399	0
LOC113741257	uncharacterized protein LOC113741257	0	8.85132
LOC113741255	uncharacterized protein LOC113741255	13.364	0
LOC113741412	uncharacterized protein LOC113741412	6.36693	0
LOC113741465	uncharacterized protein LOC113741465	12.2456	0
LOC113741816	rho guanine nucleotide exchange factor 8-like	2.8234	0
LOC113742076	polygalacturonase 1 beta-like protein 3	0	2.68256
LOC113742111	late embryogenesis abundant protein 37-like	58.9501	0
LOC113742390	mavicyanin-like	83.9137	0
LOC113742419	LOB domain-containing protein 22	11.2925	0
LOC113742479	uncharacterized protein LOC113742479	33.9606	0
LOC113742496	VQ motif-containing protein 20-like	31.8144	0
LOC113742897	Plasma membrane ATPase (EC 7.1.2.1)	19.4418	0
	NADH:ubiquinone reductase (non-electrogenic) (EC		
LOC113743483	1.6.5.9)	4.32861	0
LOC113743665	receptor-like protein kinase ANXUR1	5.3838	0
LOC113743805	anther-specific protein LAT52-like	325.934	0
LOC113687910	#N/D	0	3.89615
LOC113711670	transcription initiation factor TFIID subunit 15b-like	6.8442	0
LOC113718974	#N/D	11.6716	0
LOC113728225	#N/D	7.81546	0
LOC113732304	#N/D	0	16.5388
LOC113738008	uncharacterized protein LOC113738008 isoform X1	0	3.52708
-	#N/D	26.2533	0
-	#N/D	50.8695	0

-	#N/D	6.8455	0
-	#N/D	54.8915	0
-	#N/D	29.9263	0
-	#N/D	3.46678	0
-	#N/D	64.5375	0
-	#N/D	15.8128	0
-	#N/D	21.9523	0
-	#N/D	4.007	0
-	#N/D	10.4081	0
-	#N/D	31.174	0
-	#N/D	4.09977	0
-	#N/D	2.26418	0
-	#N/D	5.42162	0
-	#N/D	8.09394	0
-	#N/D	3.06994	0
-	#N/D	4.44603	0
-	#N/D	27.1398	0
-	#N/D	3.01116	0
-	#N/D	5.47763	0
-	#N/D	38.52	0
-	#N/D	9.43356	0
-	#N/D	60.9298	0
-	#N/D	3.82385	0
-	#N/D	6.81185	0
-	#N/D	4.45108	0
-	#N/D	13.9283	0
-	#N/D	18.3834	0
-	#N/D	275.912	0
-	#N/D	12.6054	0
-	#N/D	21.4771	0
-	#N/D	3.9956	0
-	#N/D	4.22832	0
-	#N/D	30.6376	0
-	#N/D	85.6947	0
-	#N/D	29.0902	0
-	#N/D	5.26654	0
-	#N/D	22.195	0
-	#N/D	14.5425	0
-	#N/D	14.6599	0
-	#N/D	8.02816	0
-	#N/D	4.81461	0
-	#N/D	28.7347	0
-	#N/D	47.4194	0
-	#N/D	11.2503	0
-	#N/D	4.01942	0
-	#N/D	20.2379	0

-	#N/D	14.341	0
-	#N/D	6.37623	0
-	#N/D	8.51808	0
-	#N/D	22.1741	0
-	#N/D	7.81092	0
-	#N/D	7.08753	0
-	#N/D	12.9214	0
-	#N/D	8.64584	0
-	#N/D	241.45	0
-	#N/D	4.37038	0
-	#N/D	14.8069	0
-	#N/D	3.62	0
-	#N/D	12.39	0
-	#N/D	7.45981	0
-	#N/D	2.27601	0
-	#N/D	6.29288	0
-	#N/D	5.89425	0
-	#N/D	10.68	0
-	#N/D	10.7069	0
-	#N/D	34.7028	0
-	#N/D	10.8707	0
-	#N/D	4.44164	0
-	#N/D	2.07509	0
-	#N/D	9.25725	0
-	#N/D	6.14749	0
-	#N/D	6.12888	0
-	#N/D	8.57581	0
-	#N/D	6.85615	0
-	#N/D	6.31371	0
-	#N/D	3.83499	0
-	#N/D	9231.41	13.6886
-	#N/D	9.00077	0
-	#N/D	22.2799	0
-	#N/D	4.33809	0
-	#N/D	40.7978	0
-	#N/D	6.43666	0
-	#N/D	2.6533	0
-	#N/D	82.2998	0
-	#N/D	25.9245	0
-	#N/D	9.75918	0
-	#N/D	12.8727	0
-	#N/D	4.73998	0
-	#N/D	18.865	0
-	#N/D	309.214	0
-	#N/D	25.8636	0
-	#N/D	6.36865	0

-	#N/D	123.964	0
-	#N/D	9.59608	0
-	#N/D	14.3519	0
-	#N/D	10.5439	0
-	#N/D	11.3012	0
-	#N/D	85.4319	0
-	#N/D	11.024	0
-	#N/D	17.2875	0
-	#N/D	10.3422	0
-	#N/D	6.28804	0
-	#N/D	9.27522	0
-	#N/D	1.72891	0
-	#N/D	27.5199	0
-	#N/D	16.5151	0
-	#N/D	11.6371	0
-	#N/D	17.6538	0
-	#N/D	12.6085	0
-	#N/D	3.41156	0
-	#N/D	10.9581	0
-	#N/D	4.85727	0
-	#N/D	26.9957	0
-	#N/D	83.7525	0
-	#N/D	59.0582	0
-	#N/D	7.46807	0
-	#N/D	9.39204	0
-	#N/D	4.8868	0
-	#N/D	4.30256	0
-	#N/D	10.114	0
-	#N/D	6.59263	0
-	#N/D	42.1299	0
-	#N/D	85.034	0
-	#N/D	10.2955	0
-	#N/D	7.1313	0
-	#N/D	5.76815	0
-	#N/D	4.49996	0
-	#N/D	4.1967	0
-	#N/D	7.07879	0
-	#N/D	8.70917	0
-	#N/D	7.45118	0
-	#N/D	63.107	0
-	#N/D	9.558	0
-	#N/D	4.53223	0
-	#N/D	15.8379	0
-	#N/D	3.68056	0
-	#N/D	16.3198	0
-	#N/D	25.0836	0

-	#N/D	7.2106	0
-	#N/D	3.62564	0
-	#N/D	7.23963	0
-	#N/D	23.2332	0
-	#N/D	3.5064	0
-	#N/D	7.78298	0
-	#N/D	96.5574	0
-	#N/D	9.63264	0
-	#N/D	5.84994	0
-	#N/D	4.69094	0
-	#N/D	3.61609	0
-	#N/D	58.2932	0
-	#N/D	30.0199	0
-	#N/D	30.309	0
-	#N/D	6.1536	0
-	#N/D	30.8247	0
-	#N/D	101.169	0
-	#N/D	2.58141	0
-	#N/D	5.92345	0
-	#N/D	12.2729	0
-	#N/D	4.52049	0
-	#N/D	30.2939	0
-	#N/D	24.7741	0
-	#N/D	12.6709	0
-	#N/D	17.6036	0
-	#N/D	130.72	0
-	#N/D	12.9078	0
-	#N/D	3.91786	0
-	#N/D	12.114	0
-	#N/D	7.1162	0
-	#N/D	12.6709	0
-	#N/D	36.1972	0
-	#N/D	7.40074	0
-	#N/D	5.96829	0
-	#N/D	17.3237	0
-	#N/D	3.19238	0
-	#N/D	7.13717	0
-	#N/D	14.8099	0
-	#N/D	14.8467	0
-	#N/D	18.2339	0
-	#N/D	6.76773	0
-	#N/D	45.4991	0
-	#N/D	353.828	0
-	#N/D	42.0023	0
-	#N/D	43.0848	0
-	#N/D	11.2536	0

-	#N/D	26.9146	0
-	#N/D	18.1598	0
-	#N/D	1.99532	0
-	#N/D	33.3005	0
-	#N/D	13.4509	0
-	#N/D	41.5603	0
-	#N/D	3.27966	0
-	#N/D	38.1108	0
-	#N/D	76.1206	0
-	#N/D	44.3799	0
-	#N/D	5.43758	0
-	#N/D	10.3541	0
-	#N/D	16.5047	0
-	#N/D	9.43851	0
-	#N/D	5.95337	0
-	#N/D	13.5995	0
-	#N/D	99.042	0
-	#N/D	18.1638	0
-	#N/D	8.25837	0
-	#N/D	44.6308	0
-	#N/D	8.34427	0
-	#N/D	5.95328	0
-	#N/D	10.1659	0
-	#N/D	6.33138	0
-	#N/D	22.6591	0
-	#N/D	2.89476	0
-	#N/D	26.7502	0
-	#N/D	12.3329	0
-	#N/D	20.2248	0

**Anexo F** – Genes diferencialmente expressos identificados entre a comparação das flores irrigadas (região medial e apical) e flores não irrigadas (região medial e apical).

GENES	PROTEÍNAS	FPKM - APICAL IRRIGADA	FPKM - APICAL NÃO IRRIGADA
LOC113687224	#N/D	17.6053	0
LOC113691012	#N/D	2.00981	0
LOC113691971	#N/D	4.52681	0
LOC113692118	#N/D	11.8643	0
LOC113698805	#N/D	0	1.4175
LOC113706492	#N/D	0	3.78942
LOC113709708	#N/D	0	2.73535
LOC113712152	#N/D	1.79697	0
LOC113716446	#N/D	0	5.32953
LOC113716639	#N/D	0	3.3225



LOC113722667	#N/D	0	3.64419
LOC113722743	#N/D	0	17.219
LOC113722790	#N/D	50.632	0
LOC113723104	#N/D	10.5569	0
LOC113724044	#N/D	68.1438	0
LOC113725907	#N/D	15.8773	0
LOC113732002	#N/D	1.08188	0
LOC113733793	#N/D	5.07767	0
LOC113736719	#N/D	2.38944	0
LOC113737607	#N/D	8.8634	0
LOC113738518	#N/D	0	8.94726
LOC113741060	#N/D	1.81676	0
LOC113687230	rho GDP-dissociation inhibitor 1-like	42.4295	0
LOC113687343	cysteine-rich receptor-like protein kinase 10	2.54257	0
LOC113687490	putative zinc finger protein CONSTANS-LIKE 11	4.83149	0
LOC113687568	uncharacterized protein At4g04980-like	3.72127	0
LOC113687598	LOB domain-containing protein 2-like	0	57.7208
LOC113687622	cytochrome P450 CYP72A219-like	3.22128	0
LOC113687626	protein trichome birefringence-like 41	6.82635	0
LOC113687762	Potassium transporter	0	5.09528
LOC113688083	ABC-type xenobiotic transporter (EC 7.6.2.2)	0.827259	0
LOC113688711	uncharacterized protein LOC113688711	2.61415	0
LOC113688784	15-cis-phytoene synthase (EC 2.5.1.32)	0	4.72473
LOC113688811	polyphenol oxidase I, chloroplastic-like isoform X1	0	1.9866
LOC113688913	uncharacterized protein LOC113688913	3.78258	0
LOC113689084	calcium-dependent protein kinase 17-like	2.88409	0
LOC113689190	transmembrane emp24 domain-containing protein p24beta2-like	6.95633	0
LOC113689261	rho GDP-dissociation inhibitor 1-like	20.1792	0
LOC113689290	Eukaryotic translation initiation factor 4C	16.1737	0
LOC113689389	Dirigent protein	0	35.7444
LOC113689445	zinc finger protein CONSTANS-LIKE 12-like	4.90152	0
LOC113689526	LOB domain-containing protein 2-like	0	44.5165
LOC113689684	COBRA-like protein 10	1.76425	0
LOC113689752	uncharacterized protein LOC113689752	5.7579	0
LOC113689784	zinc transporter 5-like	7.12223	0
LOC113689857	uncharacterized protein LOC113689857	15.9502	0
LOC113689906	Chlorophyll a-b binding protein, chloroplastic	0	3.73586
LOC113689907	uncharacterized protein LOC113689907	520.845	0
LOC113689923	Dirigent protein	0	4.82447
LOC113689960	vegetative cell wall protein gp1-like isoform X1	0	4.99375
LOC113689984	AT-hook motif nuclear-localized protein 16	0	75.9189
LOC113690158	Potassium transporter	0	1.18077
LOC113690168	anther-specific protein LAT52-like	24.1197	0
LOC113690279	putative disease resistance protein RGA3	0	2.69434
LOC113690368	putative F-box/FBD/LRR-repeat protein At4g03220	5.80024	0

LOC113690828	protein trichome birefringence-like 31	3.49207	0
LOC113691110	tyrosine aminotransferase-like ankyrin repeat-containing protein ITN1-like isoform	1.94447	0
LOC113691292	X1	2.16075	0
LOC113691616	glucan endo-1,3-beta-glucosidase 8-like probable leucine-rich repeat receptor-like protein	2.58661	0
LOC113691651	kinase At1g35710	3.8242	0
LOC113691708	protein trichome birefringence-like 8	4.60821	0
LOC113691789	short-chain dehydrogenase reductase 2a-like	11.2612	0
LOC113691822	Purple acid phosphatase (EC 3.1.3.2)	134.961	1.51291
LOC113691867	EG45-like domain containing protein	0	6.69678
LOC113692054	probable protein phosphatase 2C 65	12.4702	0
LOC113692154	GDSL esterase/lipase At1g29670-like	0	3.35073
LOC113692516	Transcription repressor (Ovate family protein)	0	7.10069
LOC113692525	ras-related protein RABA4d	7.27812	0
LOC113692529	aldose reductase-like	0	1.98176
LOC113692592	omega-hydroxypalmitate O-feruloyl transferase-like replication protein A 70 kDa DNA-binding subunit B-	0	76.8313
LOC113692826	like isoform X3	2.61524	0
LOC113692843	benzyl alcohol O-benzoyltransferase-like	0	1.15754
LOC113692886	NAC domain-containing protein 55-like	3.74933	0
LOC113692953	tetraspanin-15-like	20.3813	0
LOC113692965	uncharacterized protein LOC113692965	7.51514	0
LOC113693396	14 kDa proline-rich protein DC2.15-like	0	82.382
LOC113693428	transcription factor bHLH19-like	16.5771	0
LOC113693635	Carboxypeptidase (EC 3.4.16.-) Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase (PPLase) (EC	0	2.53909
LOC113693874	5.2.1.8)	0	2.16946
LOC113693894	ABC transporter G family member 34-like isoform X2	0.644442	0
LOC113694531	polygalacturonase inhibitor-like	0	9.18824
LOC113694609	uncharacterized protein LOC113694609	49974.9	37.0884
LOC113694674	EG45-like domain containing protein	0	38.8122
LOC113694751	RING-type E3 ubiquitin transferase (EC 2.3.2.27)	40.3765	0
LOC113695031	Glycosyltransferase family 92 protein (EC 2.4.1.-)	39.0165	0
LOC113695117	putative clathrin assembly protein At5g57200	1.60475	0
LOC113695215	protein DMR6-LIKE OXYGENASE 2-like	0	20.8237
LOC113695258	Aspartate aminotransferase (EC 2.6.1.1)	3.90716	0
LOC113695443	NAC domain-containing protein 2-like	0	1.65195
LOC113695602	uncharacterized protein LOC113695602	1.06823	0
LOC113695610	transcriptional regulator TAC1-like	11.1699	0
LOC113695621	Profilin	186.106	0
LOC113695690	LOW QUALITY PROTEIN: aldose reductase-like	0	2.75628
LOC113695733	uncharacterized protein LOC113695733	306.612	0
LOC113695770	fatty alcohol:caffeoyl-CoA acyltransferase-like	0	141.771
LOC113695788	ARF guanine-nucleotide exchange factor GNL2-like	0.830732	0
LOC113696035	Reticulon-like protein	70.5048	0
LOC113696054	Terpene cyclase/mutase family member (EC 5.4.99.-)	0	1.0316

LOC113696130	heme oxygenase 1, chloroplastic-like	159.169	4.53408
LOC113696550	F-box/FBD/LRR-repeat protein At5g22700-like	0	1.58131
LOC113696689	dnaj homolog subfamily B member 1-like	22.8345	0
LOC113696724	uncharacterized protein LOC113696724	5.10742	0
LOC113697800	myb-related protein 305-like	57.7686	0
LOC113697884	cactin-like	3.12711	0
LOC113698104	ras-related protein RABC1-like	14.1265	0
LOC113698354	probable aquaporin NIP-type	15.0548	0
LOC113698414	uncharacterized protein LOC113698414	1.68087	0
LOC113698601	uncharacterized protein LOC113698601 isoform X1 Protein DETOXIFICATION (Multidrug and toxic	0	3.71922
LOC113698673	compound extrusion protein)	2.85991	0
LOC113698694	zinc-finger homeodomain protein 2-like	0	8.0255
LOC113698773	uncharacterized protein LOC113698773	8.96645	0
LOC113698823	putative polyol transporter 2 Phosphoenolpyruvate carboxykinase (ATP) (EC	18.8641	0
LOC113698953	4.1.1.49)	3.3226	0
LOC113699340	basic endochitinase-like	0	11.6624
LOC113699547	type I inositol polyphosphate 5-phosphatase 5-like	2.58864	0
LOC113699963	Germin-like protein	13.0704	0
LOC113700038	serine/threonine-protein kinase SAPK7-like	12.7728	0
LOC113700113	putative glutamine amidotransferase GAT1_2.1	9.11936	0
LOC113700114	alcohol dehydrogenase-like 7	35.473	0
LOC113700185	MADS-box transcription factor 23-like isoform X1	8.4794	0
LOC113700525	uncharacterized protein LOC113700525	0	5.94808
LOC113700963	ras-related protein RABC1-like uncharacterized protein LOC113698112 isoform X2	5.38725	0
LOC113701089	(uncharacterized protein LOC113701089 isoform X2)	3.61795	0
LOC113701225	uncharacterized protein LOC113701225	36.2008	0
LOC113701270	probable aquaporin NIP-type	19.4525	0
LOC113701316	stress-induced protein KIN2-like	17.6303	0
LOC113701324	stress-induced protein KIN2-like	159.194	0
LOC113701387	geraniol 8-hydroxylase-like	0	3.48301
LOC113701431	protein PELPK1-like	0	30.9836
LOC113701449	salicylic acid-binding protein 2-like	0	2.98345
LOC113701469	FCS-Like Zinc finger 5-like	0	5.51119
LOC113701591	cytokinin hydroxylase-like	4.39935	0
LOC113701620	cytochrome P450 81E8-like	0	4.85676
LOC113701646	protein MIZU-KUSSEI 1-like	7.97591	0
LOC113701951	uncharacterized protein LOC113701951	107.638	0
LOC113701969	uncharacterized protein LOC113701969	4.18791	0
LOC113702367	auxin-responsive protein SAUR50-like	19.2512	0
LOC113702411	stress-induced protein KIN2-like	236.055	0
LOC113702449	serine/threonine-protein kinase SAPK7-like	10.6722	0
LOC113702924	premnaspirodiene oxygenase-like	0	6.3607
LOC113703332	protein ECERIFERUM 26-like	161.571	0
LOC113703389	stress-induced protein KIN2-like	802.498	0

LOC113703393	sugar carrier protein C-like	44.9769	0
LOC113703661	uncharacterized protein LOC113703661	0	2.24937
LOC113703744	ACT domain-containing protein ACR2-like	2.96517	0
LOC113703919	premnaspirodiene oxygenase-like	0	1.43765
LOC113704089	mitogen-activated protein kinase kinase 10-like	2.39686	0
LOC113704595	U-box domain-containing protein 35-like probable 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase	2.24029	0
LOC113705043	AOP1 probable 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase	2.8908	0
LOC113705403	AOP1	3.89136	0
LOC113705460	uncharacterized protein LOC113705460	0	1.87363
LOC113705853	uncharacterized protein LOC113705853	8.88485	0
LOC113706092	uncharacterized protein LOC113706092 probable LRR receptor-like serine/threonine-protein	9.79978	0
LOC113706095	kinase At3g47570	3.89892	0
LOC113706159	protein LATERAL ORGAN BOUNDARIES-like	3.86757	0
LOC113706327	Peroxidase (EC 1.11.1.7)	0	4.89785
LOC113706390	sugar carrier protein C-like probable ADP-ribosylation factor GTPase-activating	42.4639	0
LOC113706470	protein AGD14	0	1.49706
LOC113706605	Ubiquinol oxidase (EC 1.10.3.11)	0	2.23625
LOC113706610	uncharacterized protein LOC113706610	0	1.59783
LOC113706618	Glutamate receptor	0	0.890253
LOC113707033	ACT domain-containing protein ACR2-like	7.29169	0
LOC113708014	wall-associated receptor kinase 5-like	3.2133	0
LOC113708061	wall-associated receptor kinase-like 1	0	1.77049
LOC113708084	uncharacterized protein LOC113708084 isoform X1	0	2.50806
LOC113708241	caffeoylshikimate esterase-like	30.2763	0
LOC113708388	probable beta-D-xylosidase 5	49.8608	0
LOC113708500	quinone oxidoreductase PIG3-like isoform X2	2.78806	0
LOC113708525	subtilisin-like protease SBT5.6	0	5.07
LOC113708535	microtubule-associated protein 70-5-like	6.61024	0
LOC113708542	apyrase-like	0	3.41467
LOC113708854	uncharacterized protein LOC113708854	0.972548	0
LOC113709004	Mannan endo-1,4-beta-mannosidase (EC 3.2.1.78)	22.4329	0
LOC113709061	WRKY transcription factor SUSIBA2-like	6.03901	0
LOC113709112	protein SRG1-like	0	2.84503
LOC113709271	floral homeotic protein AGAMOUS-like	5.72209	0
LOC113709292	uncharacterized protein LOC113709292	5.70922	0
LOC113709450	protein TIFY 5A-like	22.2529	0
LOC113709659	flavonoid 3'-monooxygenase-like Cytokinin riboside 5'-monophosphate	0	1.73014
LOC113709677	phosphoribohydrolase (EC 3.2.2.n1)	0	4.84248
LOC113709802	wall-associated receptor kinase-like 1	5.32018	0
LOC113709848	F-box/LRR-repeat protein At3g26922-like	4.32804	0
LOC113709900	beta-amylase 7-like	0	6.3476
LOC113709912	cationic amino acid transporter 1-like	4.21538	0

LOC113710025	abscisic acid 8'-hydroxylase 2-like	0	4.59852
LOC113710150	uncharacterized protein LOC113710150 isoform X1	0	1.22739
LOC113710298	microtubule-associated protein 70-5-like	5.83319	0
LOC113710596	two-pore potassium channel 1-like	3.74427	0
LOC113710626	(-)-isopiperitenol/(-)-carveol dehydrogenase, mitochondrial-like	87.0483	0
LOC113710672	uncharacterized protein LOC113710672	184.368	0
LOC113710682	WRKY transcription factor SUSIBA2-like	2.97493	0
LOC113710685	Carboxypeptidase (EC 3.4.16.-)	50.4912	0
LOC113710950	Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-)	143.602	0
LOC113710970	uncharacterized protein LOC113710970	0	16.2113
LOC113710971	Germin-like protein	6.58826	0
LOC113711019	Purple acid phosphatase (EC 3.1.3.2)	16.653	0
LOC113711042	uncharacterized protein LOC113711042	7.06483	0
LOC113711172	NDR1/HIN1-like protein 13	3.34179	0
LOC113711176	1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase 3-like	0	3.54336
LOC113711189	oligopeptide transporter 4-like	1.7365	0
LOC113711345	gibberellin-regulated protein 11-like	192.719	0
LOC113711483	Dirigent protein	0	9.44319
LOC113711501	metal transporter Nramp5-like	2.40503	0
LOC113711512	cyclic nucleotide-gated ion channel 18-like	1.65186	0
LOC113711514	uncharacterized protein LOC113711514	10.2123	0
LOC113711570	L-type lectin-domain containing receptor kinase S.6-like	0	1.79403
LOC113711622	protein BEARSKIN2	34.4681	0
LOC113711720	abscisic stress-ripening protein 3-like	200.065	0
LOC113711784	uncharacterized protein LOC113711784	0	5.16315
LOC113711798	V-type proton ATPase subunit G	17.3627	0
LOC113711798	V-type proton ATPase subunit G	56.062	0
LOC113711812	uncharacterized protein LOC113711812	0	11.9079
LOC113711915	uncharacterized protein LOC113711915	11.1518	0
LOC113712052	Mannan endo-1,4-beta-mannosidase (EC 3.2.1.78)	2.59594	0
LOC113712589	cytochrome P450 734A1-like	0	4.41774
LOC113712616	probable beta-D-xylosidase 5	6.73274	0
LOC113712624	ABSCISIC ACID-INSENSITIVE 5-like protein 3	18.0441	0
LOC113713061	miraculin-like	0	5.74121
LOC113713236	CDGSH iron-sulfur domain-containing protein NEET-like isoform X1	27.6397	0
LOC113713351	uncharacterized protein LOC113713351	6.61329	0
LOC113713383	dof zinc finger protein DOF3.5-like	7.77696	0
LOC113713393	pollen-specific leucine-rich repeat extensin-like protein 3	1.3209	0
LOC113713564	uncharacterized protein LOC113713564	0	4.56196
LOC113713679	1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase 5-like	0	56.9137
LOC113713893	putative 12-oxophytodienoate reductase 11	0	31.9411
LOC113713903	protein NRT1/ PTR FAMILY 5.10-like	3.26348	0
LOC113714170	cyclic nucleotide-gated ion channel 18-like	2.53701	0

LOC113714221	L-type lectin-domain containing receptor kinase S.6-like	0	2.30345
LOC113714248	UPF0496 protein At1g20180-like	4.23727	0
LOC113714293	protein BEARSKIN2-like	6.58531	0
LOC113714341	V-type proton ATPase subunit G	43.0567	0
LOC113714667	Protein DETOXIFICATION (Multidrug and toxic compound extrusion protein)	0	2.37732
LOC113715008	probable beta-D-xylosidase 5	30.466	0
LOC113715009	probable beta-D-xylosidase 5	24.6051	0
LOC113715010	non-specific lipid-transfer protein-like protein At5g64080	100.354	0
LOC113715015	ABSCISIC ACID-INSENSITIVE 5-like protein 3	9.45471	0
LOC113715065	NDR1/HIN1-like protein 13	10.0744	0
LOC113715069	1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase 3-like	0	6.06389
LOC113715466	Sulfotransferase (EC 2.8.2.-)	6.56133	0
LOC113715489	L-gulonolactone oxidase (EC 1.1.3.8)	123.55	0
LOC113715666	probable disease resistance protein RF45	0	1.1364
LOC113715671	uncharacterized protein LOC113715671	2.50243	0
LOC113716135	receptor-like protein EIX2	5.07401	0
LOC113716236	cytochrome b5-like	0	4.22891
LOC113716320	probable RNA helicase SDE3	0	1.23128
LOC113716348	probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At3g47570	0.969126	0
LOC113716577	thaumatin-like protein isoform X2	0	6.43253
LOC113716597	WAT1-related protein	0	1.93559
LOC113717082	bidirectional sugar transporter SWEET7-like	12.9037	0
LOC113717591	Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-)	14.9366	0
LOC113717660	MLP-like protein 28	0	9.51843
LOC113718006	Receptor-like serine/threonine-protein kinase (EC 2.7.11.1)	0	1.68682
LOC113718438	putative clathrin assembly protein At2g25430	4.19368	0
LOC113718467	putative clathrin assembly protein At2g25430	0	8.06913
LOC113718483	uncharacterized protein LOC113718483	0	3.65848
LOC113718864	Flotillin-like	3.51426	0
LOC113718915	tropinone reductase-like 1	0	2.78068
LOC113719228	LOW QUALITY PROTEIN: PHD finger protein MALE STERILITY 1	0	31.7323
LOC113719325	Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-)	16.8939	0
LOC113719521	disease resistance protein RPM1-like	0	1.02445
LOC113720342	LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase ERL2	0	3.8893
LOC113720501	transcription factor MYB46-like	2.73316	0
LOC113720567	probable transcription factor At5g61620	3.95747	0
LOC113720573	uncharacterized protein LOC113720573	104.717	0
LOC113720649	UDP-xylose transporter 1-like	2.68917	0
LOC113720801	alcohol dehydrogenase-like 7	27.2218	0
LOC113720987	Dehydration-responsive element-binding protein 1D (dehydration-responsive element-binding protein	0	2.87459

	1B-like)		
LOC113721560	RING-H2 finger protein ATL70-like	4.61557	0
LOC113722052	ethylene-responsive transcription factor ERF091-like	21.4493	0
LOC113722845	oleosin 16.4 kDa-like	0	6.16911
LOC113722996	cytochrome P450 76AD1-like	0	3.59392
LOC113723038	L-type lectin-domain containing receptor kinase IV.1-like	4.07584	0
LOC113723049	L-type lectin-domain containing receptor kinase IV.1-like	2.61142	0
LOC113723120	transcription factor MYB35-like	0	5.91166
LOC113723715	LOB domain-containing protein 30-like	3.11266	0
LOC113723736	caffeic acid 3-O-methyltransferase 1-like	0	8.65431
LOC113723765	Chalcone synthase (EC 2.3.1.74)	0	251.655
LOC113723854	serpin-ZX-like	5.29643	0
LOC113723870	alpha-farnesene synthase-like	8.73538	0
LOC113723977	uncharacterized protein LOC113723977	29.4691	0
LOC113724142	aspartic proteinase CDR1-like	0	8.68547
LOC113724174	keratin, type I cytoskeletal 9-like	0	4.15231
LOC113724477	glucan endo-1,3-beta-glucosidase-like	67.1841	0
LOC113724519	uncharacterized protein LOC113724519	83.8973	0
LOC113724526	late embryogenesis abundant protein 47-like	64.5526	0
LOC113724562	putative leucine-rich repeat receptor-like serine/threonine-protein kinase At2g24130	6.01689	0
LOC113724578	serine/threonine-protein kinase HT1-like	5.80858	0
LOC113724598	Hexosyltransferase (EC 2.4.1.-)	0	6.19752
LOC113724642	uncharacterized protein LOC113724642	181.254	0
LOC113724697	protein O-glucosyltransferase 1-like	4.42338	0
LOC113724736	late embryogenesis abundant protein 6-like	409.266	0
LOC113725728	bark storage protein A-like	0	3.94508
LOC113725901	equilibrative nucleotide transporter 3-like	105.714	0
LOC113726123	berberine bridge enzyme-like 24	2.51753	0
LOC113726231	probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At1g53420	0.892301	0
LOC113727055	Receptor-like serine/threonine-protein kinase (EC 2.7.11.1)	0	3.32114
LOC113727108	protein STRICTOSIDINE SYNTHASE-LIKE 2-like isoform X1	0	2.4849
LOC113727503	2-oxoglutarate-dependent dioxygenase AOP2-like isoform X1	0	2.5313
LOC113727525	uncharacterized protein LOC113727525	0	2.9143
LOC113727733	Pectinesterase (EC 3.1.1.11)	26.9752	0
LOC113727816	probable glycerol-3-phosphate acyltransferase 3	0	1.82429
LOC113727935	LOB domain-containing protein 30-like	4.46572	0
LOC113728464	protein NUCLEAR FUSION DEFECTIVE 4-like	1.89054	0
LOC113728519	serpin-ZXA-like	3.03528	0
LOC113728545	ras-related protein Rab2BV-like	11.7269	0
LOC113728574	Glycosyltransferase (EC 2.4.1.-)	0	95.0863

LOC113728631	uncharacterized protein LOC113728631	2.82476	0
LOC113728732	zinc finger protein ZAT4-like	2.28558	0
LOC113728750	ABC transporter G family member 11-like	23.4937	0
LOC113728809	aspartic proteinase CDR1-like	0	25.9
LOC113728891	protein STRICTOSIDINE SYNTHASE-LIKE 10-like	4.08593	0
LOC113728981	uncharacterized protein LOC113728981	21.8398	0
LOC113729306	uncharacterized protein LOC113729306	51.9501	0
LOC113729316	late embryogenesis abundant protein 47-like putative leucine-rich repeat receptor-like	100.423	0
LOC113729375	serine/threonine-protein kinase At2g24130	3.48256	0
LOC113729449	histidine kinase CK11-like	2.49087	0
LOC113729496	protein O-glucosyltransferase 1-like L-type lectin-domain containing receptor kinase IV.1- like	12.0409	0
LOC113729564	like	1.1614	0
LOC113729618	ethylene-responsive transcription factor ERF091-like	4.62456	0
LOC113729638	Glutamate receptor	1.78002	0
LOC113729653	uncharacterized protein LOC113729653	610.952	0
LOC113729663	uncharacterized protein LOC113729663	0	2.40221
LOC113729673	Bidirectional sugar transporter SWEET	3.85066	0
LOC113729683	uncharacterized protein At2g34160-like	6.67708	0
LOC113729692	RING-H2 finger protein ATL70-like	12.4384	0
LOC113729724	Chalcone synthase (EC 2.3.1.74)	0	275.871
LOC113729743	protein TIFY 5A-like	128.671	0
LOC113729764	arabinogalactan protein 23-like	18.3773	0
LOC113729766	arabinogalactan protein 23-like	89.7746	0
LOC113729768	uncharacterized protein LOC113729768	40.7998	0
LOC113729770	late embryogenesis abundant protein 6-like	625.043	0
LOC113730349	mavicyanin-like protein LIGHT-DEPENDENT SHORT HYPOCOTYLS 1- like	7.42414	0
LOC113730601	like	0	2.62403
LOC113730837	gibberellin 2-beta-dioxygenase 8-like	0	2.91689
LOC113731042	GDSL esterase/lipase At1g28580-like	6.37908	0
LOC113731239	Beta-galactosidase (EC 3.2.1.23)	0	6.38668
LOC113731669	tobamovirus multiplication protein 1-like probable 3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase-like	4.13332	0
LOC113731858	2, mitochondrial Receptor-like serine/threonine-protein kinase (EC	90.155	2.2283
LOC113732214	2.7.11.1) Non-specific serine/threonine protein kinase (EC	0	1.36364
LOC113732345	2.7.11.1)	51.7115	0
LOC113732902	Pectinesterase (EC 3.1.1.11)	10.9092	0
LOC113733474	pleiotropic drug resistance protein 2-like isoform X1	0.839456	0
LOC113733478	Aspergillus nuclease S(1) (EC 3.1.30.1)	188.666	0
LOC113733699	desiccation-related protein PCC13-62-like	0	3.14781
LOC113733720	uncharacterized protein LOC113733720 9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase NCED6, chloroplastic-like	4.79606	0
LOC113733730	chloroplastic-like	0	5.45181



LOC113733750	polygalacturonase-like	6.61172	0
LOC113733767	Pectinesterase (EC 3.1.1.11)	26.6403	0
LOC113733769	Pectinesterase (EC 3.1.1.11)	16.4356	0
LOC113734405	protein ROOT HAIR DEFECTIVE 3-like	1.70111	0
LOC113734721	glycine-rich protein 23-like	0	5.53245
LOC113734890	phosphate transporter PHO1-like	19.0744	0
LOC113735012	endochitinase EP3-like	0	4.4052
LOC113735279	rho GDP-dissociation inhibitor 1-like	4.85828	0
LOC113735282	cytochrome P450 705A5-like	0	1.75016
LOC113735390	glycolipid transfer protein 1-like	13.2956	0
LOC113735498	uncharacterized protein LOC113735498	0	2.64611
LOC113735533	probable glucan endo-1,3-beta-glucosidase A6	0	14.3816
LOC113735540	ATP-dependent DNA helicase (EC 3.6.4.12)	2.57823	0
LOC113735995	F-box/kelch-repeat protein At3g23880-like	10.5934	0
LOC113736085	rho GDP-dissociation inhibitor 1-like	3.88684	0
LOC113736194	monothiol glutaredoxin-S4	9.38627	0
LOC113736397	9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase NCED6, chloroplast-like	0	2.48535
LOC113736907	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase (EC 1.1.1.95)	11.7625	0
LOC113737203	RING-type E3 ubiquitin transferase (EC 2.3.2.27)	3.66813	0
LOC113737213	uncharacterized protein LOC113737213	18.3616	0
LOC113737231	late embryogenesis abundant protein 1-like	73.6162	0
LOC113737247	Pectinesterase (EC 3.1.1.11)	5.82542	0
LOC113737312	probable glucan endo-1,3-beta-glucosidase A6 LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase	0	12.7875
LOC113737522	ERECTA	0	14.1043
LOC113737804	CYC02 protein-like	0	7.77928
LOC113737809	probable glucan endo-1,3-beta-glucosidase A6	0	43.3869
LOC113737825	cytochrome P450 705A5-like	0	1.63238
LOC113737878	protein GAMETE EXPRESSED 2-like	0.973229	0
LOC113737968	uncharacterized protein LOC113737968	6.82711	0
LOC113738452	F-box protein At4g22280-like	2.32919	0
LOC113738688	probable cyclic nucleotide-gated ion channel 16	2.03254	0
LOC113738729	Aldose 1-epimerase (EC 5.1.3.3)	6.40902	0
LOC113738869	rab escort protein 1-like	0	0.380316
LOC113738902	cytochrome P450 94B3-like	1.98847	0
LOC113738922	non-specific lipid-transfer protein 1-like	54.1561	0
LOC113739185	UDP-glycosyltransferase 83A1-like	2.77937	0
LOC113739299	(-)-germacrene D synthase-like	3.10855	0
LOC113739349	protein NRT1/ PTR FAMILY 2.8-like	3.9198	0
LOC113739350	LOB domain-containing protein 27-like	2.75121	0
LOC113739486	protein NRT1/ PTR FAMILY 2.10-like isoform X1	3.1965	0
LOC113739516	protein MIZU-KUSSEI 1-like	7.41351	0
LOC113739637	uncharacterized protein LOC113739637	9.54742	0
LOC113740123	VQ motif-containing protein 20-like	12.8394	0
LOC113740612	early nodulin-like protein 1	140.37	0

LOC113740681	Bidirectional sugar transporter SWEET	0	132.004
LOC113740988	UDP-glycosyltransferase 83A1-like	2.66468	0
LOC113741113	probable serine/threonine-protein kinase PBL18	4.32701	0
LOC113741128	protein NRT1/ PTR FAMILY 2.8-like	4.20897	0
LOC113741134	LOB domain-containing protein 27-like	9.26605	0
LOC113741257	uncharacterized protein LOC113741257	0	4.22221
LOC113741370	lipid transfer-like protein VAS isoform X2	527.112	0
LOC113741412	uncharacterized protein LOC113741412	4.80494	0
LOC113741492	lipid phosphate phosphatase 2-like two-component response regulator-like PRR1	4.18383	0
LOC113741524	isoform X1	3.88083	0
LOC113741660	(-)-germacrene D synthase-like	7.28746	0
LOC113742021	Kinesin-like protein	1.29897	0
LOC113742076	polygalacturonase 1 beta-like protein 3	0	1.47075
LOC113742111	late embryogenesis abundant protein 37-like	49.1401	0
LOC113742119	methylecgonone reductase-like	2.84324	0
LOC113742390	mavicyanin-like	50.4825	0
LOC113742428	mavicyanin-like	62.7164	0
LOC113742479	uncharacterized protein LOC113742479	14.7388	0
LOC113742496	VQ motif-containing protein 20-like	24.7457	0
LOC113743056	uncharacterized protein LOC113743056	4.80347	0
LOC113743237	Peroxidase (EC 1.11.1.7)	0	2.54587
LOC113743312	DNA-directed RNA polymerase subunit beta (EC 2.7.7.6)	1.34216	0
LOC113743483	NADH:ubiquinone reductase (non-electrogenic) (EC 1.6.5.9)	2.39471	0
LOC113743601	ABC transporter G family member 26 (ABC transporter G family member 26-like)	0	7.87963
LOC113743657	ABC transporter G family member 10-like	1.39357	0
LOC113743665	receptor-like protein kinase ANXUR1	2.09146	0
LOC113687910	#N/D	0	2.34363
LOC113691730	putative defensin-like protein 271	20.6304	0
LOC113692371	#N/D	4.55286	0
LOC113699050	#N/D	2.8557	0
LOC113703313	#N/D	5.84706	0
LOC113703545	#N/D	2.58045	0
LOC113706762	#N/D	0	9.06766
LOC113708707	uncharacterized protein LOC113708707 isoform X3	2.82804	0
LOC113718974	#N/D	6.2825	0
LOC113728166	#N/D	71.2859	0
LOC113728225	#N/D	6.35543	0
LOC113729563	#N/D	10.0393	0
LOC113732003	#N/D	4.8881	0