

**EFEITOS DO PRÉ-TRATAMENTO DE MATURAÇÃO COM AgNO₃
NA REGULAÇÃO DE FITOHORMÔNIOS E NO PERFIL
PROTEÔMICO DURANTE A DIFERENCIACÃO DE EMBRIÕES
SOMÁTICOS DE CANA-DE-ACÚCAR (*Saccharum* spp.)**

CARLOS EDUARDO ASSIS DA SILVA

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF**

**CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
FEVEREIRO - 2025**

**EFEITOS DO PRÉ-TRATAMENTO DE MATURAÇÃO COM AgNO₃
NA REGULAÇÃO DE FITOHORMÔNIOS E NO PERFIL
PROTEÔMICO DURANTE A DIFERENCIACÃO DE EMBRIÕES
SOMÁTICOS DE CANA-DE-ACÚCAR (*Saccharum* spp.)**

CARLOS EDUARDO ASSIS DA SILVA

“Dissertação apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas”

Orientador: Prof. Dr. Vanildo Silveira

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
FEVEREIRO - 2025

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

S586 Silva, Carlos Eduardo Assis da.

EFEITOS DO PRÉ-TRATAMENTO DE MATURAÇÃO COM AgNO₃ NA REGULAÇÃO DE FITOHORMÔNIOS E NO PERFIL PROTEÔMICO DURANTE A DIFERENCIACÃO DE EMBRIÕES SOMÁTICOS DE CANA-DE-AÇÚCAR (*Saccharum spp.*) / Carlos Eduardo Assis da Silva. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2025.

131 f. : il.

Bibliografia: 51 - 69.

Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2025.
Orientador: Vanildo Silveira.

1. Espectrometria de massas. 2. Embriogênese somática. 3. Crosstalk hormonal. 4. Proteômica Bottom-up. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

**EFEITOS DO PRÉ-TRATAMENTO DE MATURAÇÃO COM AgNO₃
NA REGULAÇÃO DE FITOHORMÔNIOS E NO PERFIL
PROTEÔMICO DURANTE A DIFERENCIACÃO DE EMBRIÕES
SOMÁTICOS DE CANA-DE-AÇÚCAR (*Saccharum* spp.)**

CARLOS EDUARDO ASSIS DA SILVA

"Dissertação apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas."

Aprovada em 18 de fevereiro de 2025.

Comissão Examinadora:

Documento assinado digitalmente
gov.br
DIEGO SILVA BATISTA
Data: 25/02/2025 16:25:43-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Prof. Diego Silva Batista (D.Sc., Ciências Agrárias/Fisiologia Vegetal) - UFPB

Virginia Silveira

Prof.^a. Virginia Silveira Carvalho (D.Sc., Fitotecnia/Produção Vegetal) - UENF

Clicia Grativil Gaspar de Matos

Prof.^a. Clicia Grativil Gaspar de Matos (D.Sc., Química Biológica) - UENF

Vanildo Silveira

Prof. Vanildo Silveira (D.Sc., Biotecnologia) - UENF
(Orientador)

DEDICATÓRIA

Dedico esta dissertação à memória do meu querido avô, Valdemar Gonçalves de Assis, à memória de minha mãe Rosânia Marta de Assis e com imensa gratidão, à minha segunda mãe, Rosângela Maria de Assis Rodrigues.

AGRADECIMENTOS

Ao meu orientador, prof. Dr. Vanildo Silveira, minha mais profunda gratidão pela confiança, pela orientação dedicada e pelo apoio incondicional ao longo desta jornada;

À profa. Dra. Claudete Santa Catarina, minha sincera gratidão pela colaboração, pelos ensinamentos e pelo apoio durante esta trajetória;

Aos meus colegas e companheiros de laboratório, que foram fundamentais durante essa jornada, meu sincero agradecimento pelo apoio, colaboração e amizade. Agradeço especialmente a: Lucas Rodrigues Xavier, Kaliane Zaira Camacho Maximiano Cruz, Roberta Pena da Paschoa, Caio Cesar Guedes Corrêa, Laura Eliza de Oliveira Alves, Daniel Dastan Rezabala, Karina Vieira da Silva, Lucas do Espírito Santo Gomes e Laís dos Santos Conceição. Juntos conseguimos superar desafios e compartilhar aprendizados valiosos, tornando essa experiência ainda mais enriquecedora;

Agradeço de coração aos meus amigos queridos Joellington Marinho de Almeida, Raquel Conceição Costa Pereira, Jociel Nascimento de Noronha e Joelma Lourenço de Lima pela amizade, apoio e por sempre estarem ao meu lado nos momentos de alegria e dificuldade. O carinho e compreensão de vocês foram fundamentais para me manter motivado durante essa trajetória;

À coordenação e em especial ao Senhor José Daniel Valle de Almeida, secretário do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pelo profissionalismo e pela dedicação;

Ao Laboratório de Biotecnologia LBT/ CBB/ UENF e à Unidade de Biologia de Unidade Integrativa BiolInt/UENF pelo apoio e suporte na realização deste trabalho;

Ao Laboratório de Biologia Celular e Tecidual LBCT/ CBB/ UENF pelo suporte nas análises de poliaminas;

À CAPES, pela concessão de bolsa de mestrado;

À FAPERJ e ao CNPq pelo financiamento dos projetos que viabilizaram direta e indiretamente a condução do projeto;

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) pela oportunidade de realização deste trabalho e por oferecer um ensino público, gratuito e de qualidade.

O presente trabalho foi realizado com o apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – “Código de Financiamento 001”.

SUMÁRIO

RESUMO	vii
ABSTRACT	ix
1 INTRODUÇÃO	1
2 OBJETIVOS.....	4
2.1. Objetivo geral.....	4
2.2. Objetivos específicos	4
3 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA.....	5
3.1. Cultura da cana-de-açúcar	5
3.2. Aspectos gerais da embriogênese somática	7
3.3. Embriogênese somática em cana-de-açúcar.....	8
3.4. Regulação da embriogênese somática	11
3.5. Vias de biossíntese e sinalização de etileno.....	12
3.6. Modulação do etileno e o efeito na embriogênese somática	16
4. MATERIAL E MÉTODOS	19
4.1. Material vegetal.....	19
4.2. Indução e obtenção de calos embriogênicos	19
4.3. Pré-tratamento de maturação com inibidores de etileno em calos embriogênicos	20
4.4. Maturação de calos embriogênicos	21
4.5. Análise proteômica	21
4.5.1 Extração e digestão de proteínas	21

4.5.2 Análise de espectrometria de massa	22
4.5.3 Análise de dados proteômicos	23
4.6. Quantificação de hormônios vegetais	24
4.7. Determinação de poliaminas endógenas livres (PAs).....	26
5. RESULTADOS	28
5.1. Efeitos do pré-tratamento de maturação com AgNO_3 e CoCl_2 na diferenciação e no desenvolvimento de embriões somáticos de cana-de-açúcar.....	28
5.2. Análise proteômica de calos embriogênicos de cana-de-açúcar sob diferentes concentrações de nitrato de prata.....	30
5.3. Análise funcional de dados proteômicos.....	32
5.4. Rede de interação proteína-proteína	34
5.5. Alterações no perfil hormonal de calos embriogênicos de cana-de-açúcar sob diferentes concentrações de nitrato de prata	35
5.6. Determinação de poliaminas endógenas livres em calos embriogênicos de cana-de-açúcar sob diferentes concentrações de nitrato de prata	37
6. DISCUSSÃO	38
6.1. O pré-tratamento de maturação com AgNO_3 na concentração de 0,5 μM otimiza a embriogênese somática em cana-de-açúcar por meio do aumento dos níveis de ABA e alterações no perfil proteômico.....	38
6.2. Efeitos do pré-tratamento de maturação com AgNO_3 no perfil proteômico	44
6.3. O pré-tratamento de maturação com AgNO_3 na concentração de 5 μM afeta a diferenciação dos embriões somáticos devido aos efeitos fitotóxicos, redução dos níveis de ABA e regulação da sinalização de auxina.....	45
7.CONCLUSÃO	49
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	51
APÊNDICE.....	70

RESUMO

SILVA, Carlos Eduardo Assis; M.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; fevereiro de 2025; EFEITOS DO PRÉ-TRATAMENTO DE MATURAÇÃO COM AgNO_3 NA REGULAÇÃO DE FITOHORMÔNIOS E NO PERFIL PROTEÔMICO DURANTE A DIFERENCIACÃO DE EMBRIÕES SOMÁTICOS DE CANA-DE-AÇÚCAR (*Saccharum spp.*) Orientador: Dr. Vanildo Silveira; Conselheiros: Dra. Virginia Silva Carvalho e Dr. Vitor Batista Pinto.

A embriogênese somática em cana-de-açúcar frequentemente utiliza o ácido 2,4-diclorofenoxyacético (2,4-D), uma auxina sintética essencial para a indução de calos embriogênicos. No entanto, os mecanismos moleculares associados à embriogênese somática induzida pelo 2,4-D residual ainda são pouco compreendidos, especialmente o papel da biossíntese do etileno nesse processo. Dessa forma, este estudo investigou os efeitos do pré-tratamento de maturação com cloreto de cobalto (CoCl_2) e nitrato de prata (AgNO_3), durante a embriogênese somática em cana-de-açúcar. Calos embriogênicos foram induzidos em meio de cultura MS suplementado com 10 μM de 2,4-D. Após três ciclos de subcultura (21 dias/ciclo), os calos foram submetidos a um pré-tratamento de maturação sem reguladores de crescimento vegetal e suplementado com 0,5 e 5 μM de AgNO_3 ou CoCl_2 por 21 dias no escuro, sendo posteriormente transferidos para condições de maturação. A partir disso, foram realizadas análises proteômicas comparativas, bem como a quantificação de fitohormônios e poliaminas nos tratamentos com AgNO_3 a 0,5 e 5 μM e no tratamento controle. Os resultados mostraram que o CoCl_2

não afetou significativamente a formação de embriões somáticos. Por outro lado, o AgNO₃ a 0,5 µM aumentou o número de embriões de 40,1 para 65,5 por calo e o conteúdo de matéria seca para (0,02158 g), acompanhado por um aumento nos níveis de ácido abscísico (ABA) e ácido indol-3-acético (IAA) ao final do pré-tratamento de maturação. No entanto, a maior concentração de AgNO₃ (5 µM) provocou a redução no número de embriões somáticos para 15,62, reduziu os níveis de ABA, afetou a sinalização da auxina, possivelmente de forma independente da via de sinalização do etileno, além de causar oxidação nos calos. No tratamento que promoveu o maior número de embriões somáticos (0,5 µM AgNO₃), foi observada a regulação de proteínas relacionadas à replicação do DNA, como (PCNA2; Sspon.07G0038270-1D) e (MCM2; Sspon.06G0034800-1D), e proteínas envolvidas no metabolismo da metionina e cisteína, como (MS1; Sspon.02G0031860-3C) e (SAM2; Sspon.03G0015850-1A). Ambas as concentrações de AgNO₃ promoveram um aumento nos níveis de (ACO1-2; Sspon.03G0042170-2D), sugerindo um mecanismo de *feedback* na percepção do etileno. Os resultados indicam que a concentração de 0,5 µM de AgNO₃ aumenta o número de embriões formados em cana-de-açúcar (cv. SP-80-3280). No entanto, concentrações elevadas apresentam efeitos deletérios, ressaltando a necessidade de estudos adicionais para elucidar se os efeitos do nitrato de prata ocorrem de forma independente da sinalização do etileno.

Palavras-chave: Espectrometria de massas; Embriogênese somática; *Crosstalk* hormonal; Proteômica *Bottom-up*.

ABSTRACT

SILVA, Carlos Eduardo Assis; M.Sc.; State University of the North Fluminense Darcy Ribeiro; february 2025; EFFECTS OF MATURATION PRE-TREATMENT WITH AgNO₃ ON PHYTOHORMONE REGULATION AND PROTEOMIC PROFILE DURING SUGARCANE (*Saccharum* spp.) SOMATIC EMBRYO DIFFERENTIATION; Advisor: D.Sc. Vanildo Silveira; Committee Members: D.Sc. Virginia Silva Carvalho and D.Sc. Vitor Batista Pinto.

Somatic embryogenesis in sugarcane often relies on 2,4-dichlorophenoxyacetic acid (2,4-D), a synthetic auxin essential for the induction of embryogenic calli. However, the molecular mechanisms associated with somatic embryogenesis induced by residual 2,4-D remain poorly understood, particularly the role of ethylene biosynthesis in this process. Therefore, this study investigated the effects of maturation pre-treatment with cobalt chloride (CoCl₂) and silver nitrate (AgNO₃) during somatic embryogenesis in sugarcane. Embryogenic calli were induced on MS culture medium supplemented with 10 µM 2,4-D. After three subculture cycles (21 days each), calli were subjected to a maturation pre-treatment without plant growth regulators and supplemented with 0.5 and 5 µM AgNO₃ or CoCl₂ for 21 days in the dark, followed by transfer to maturation conditions. Comparative proteomic analyses were performed, along with quantification of phytohormones and polyamines in treatments with 0.5 and 5 µM AgNO₃ and the control. Our results showed that CoCl₂ did not significantly affect somatic embryo formation. In contrast, 0.5 µM AgNO₃ increased the number of embryos from 40.1 to 65.5 per callus and

the dry mass content to 0.02158 g, accompanied by an increase in abscisic acid (ABA) and indole-3-acetic acid (IAA) levels at the end of the maturation pre-treatment. However, the higher AgNO₃ concentration (5 µM) led to a reduction in the number of somatic embryos to 15.62, decreased ABA levels, and disrupted auxin signaling, possibly independently of the ethylene signaling pathway. It also caused callus oxidation. In the treatment that promoted the highest number of somatic embryos (0.5 µM AgNO₃), was observed the regulation of proteins related to DNA replication, such as PCNA2 (Sspn.07G0038270-1D) and MCM2 (Sspn.06G0034800-1D), as well as proteins involved in methionine and cysteine metabolism, such as MS1 (Sspn.02G0031860-3C) and SAM2 (Sspn.03G0015850-1A). Both concentrations of AgNO₃ increased the levels of ACO1-2 (Sspn.03G0042170-2D), suggesting a feedback mechanism in ethylene perception. These results indicate that 0.5 µM AgNO₃ enhances somatic embryo formation in sugarcane (cv. SP-80-3280). However, higher concentrations have deleterious effects, highlighting the need for further studies to elucidate whether the effects of silver nitrate occur independently of ethylene signaling.

Keywords: Mass spectrometry; Somatic embryogenesis; Hormonal crosstalk; Bottom-up proteomics.

1 INTRODUÇÃO

A cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.), pertencente à família Poaceae, é uma cultura de grande relevância mundial devido ao seu amplo uso nas indústrias de alimentos e bioenergia (Figueroa-Rodríguez et al., 2019). Reconhecida por sua alta eficiência na produção de biomassa, a cana-de-açúcar permite a obtenção de diversos produtos de alto valor agregado, como açúcar, etanol, ácido acético, butanol e ração animal (Malik et al., 2024). No entanto, seu genoma híbrido e poliploide altamente complexo torna o melhoramento convencional um processo desafiador e demorado, frequentemente exigindo anos para a obtenção de cultivares elite (Arruda, 2012).

Nesse contexto, a embriogênese somática tem se destacado como uma solução biotecnológica estratégica, possibilitando não apenas a micropropagação em larga escala de plantas geneticamente uniformes, mas também a regeneração de plantas em protocolos de transformação genética (Ellis, 1995; Heringer et al., 2018). Além disso, essa técnica permite a produção de sementes sintéticas, oferecendo uma abordagem inovadora e eficiente para superar os desafios associados à propagação convencional, contribuindo para o desenvolvimento sustentável da cultura (Gray et al., 1991).

Durante os protocolos de indução da embriogênese somática, é comum o uso do ácido 2,4-diclorofenoxyacético (2,4-D), um herbicida sintético com efeito auxínico (Jiménez, 2005). Nesse cenário, o 2,4-D atua de forma semelhante a uma auxina natural, induzindo genes responsivos às auxinas, e mesmo em baixas

concentrações pode estimular a biossíntese de etileno (Fehér, 2015). Por outro lado, o etileno induzido por doses mais elevadas de auxinas exógenas pode levar à clivagem de xantofilas, promovendo a biossíntese do ácido abscísico (ABA) (Hansen e Grossmann, 2000). Vale destacar que a redução ou até mesmo a retirada do 2,4-D são etapas essenciais para a formação e o desenvolvimento dos embriões somáticos, uma vez que concentrações elevadas ou exposição prolongada podem afetar negativamente esse processo, reduzindo os níveis de PAs livres e a abundância de proteínas como LEA, MBD e oleosinas, que são importantes para a embriogênese somática. (Passamani et al., 2020).

Na embriogênese somática da cana-de-açúcar, foi demonstrado que os níveis residuais de 2,4-D afetam negativamente a formação de embriões somáticos. A inclusão de uma etapa sem 2,4-D antes da maturação resulta em um aumento significativo no número de embriões somáticos, acompanhado por uma elevação no conteúdo de ABA (Reis et al., 2021). Além disso, essa abordagem reduziu os níveis de ACC, um precursor direto da biossíntese de etileno, sugerindo que a remoção do 2,4-D pode influenciar diretamente a regulação dos níveis de etileno (Reis et al., 2021).

Este estudo abriu caminho para novas investigações sobre a regulação do etileno na formação de embriões somáticos em cana-de-açúcar, especialmente considerando que a melhoria da embriogênese somática, mediada pela inibição da percepção do etileno pelo nitrato de prata, já foi observada em diversas espécies (Roustan et al., 1990; Fuentes et al., 2000; Martin, 2004; Manokari et al., 2022). No entanto, os mecanismos moleculares subjacentes a esse processo ainda são pouco compreendidos, destacando a necessidade de estudos para elucidar esses processos.

Bai et al. (2013) demonstraram que a formação de embriões somáticos em *Arabidopsis* requer a expressão localizada dos genes *YUCCA* e a regulação negativa da biossíntese de etileno. Os autores mostraram que a aplicação de 1-aminociclopropano-1-carboxilato (ACC), um precursor do etileno, ou o uso de mutantes que superexpressão a via do etileno, *ETHYLENE-OVERPRODUCTION1* (ETO1), interrompeu o desenvolvimento dos embriões somáticos. Ademais, mutantes *CONSTITUTIVE TRIPLE RESPONSE 1* (*ctr1*), que apresentam sinalização exacerbada de etileno, também inibem a indução dos embriões somáticos (Bai et al., 2013).

Dessa forma, o presente estudo teve como objetivo investigar o papel do etileno na diferenciação de embriões somáticos de cana-de-açúcar, utilizando cloreto de cobalto (CoCl_2 , um inibidor da biossíntese de etileno) e nitrato de prata (AgNO_3 , um inibidor da sinalização do etileno). No entanto, apenas os tratamentos com nitrato de prata apresentaram diferenças significativas e foram submetidos à análise proteômica, quantificação hormonal e determinação de poliaminas endógenas livres

2 OBJETIVOS

2.1. Objetivo geral

Avançar na compreensão dos efeitos do pré-tratamento de maturação com AgNO₃ e CoCl₂, durante a diferenciação de embriões somáticos de cana-de-açúcar da cultivar SP-8032-80

2.2. Objetivos específicos

- a) Determinar o efeito de diferentes concentrações de AgNO₃ e CoCl₂ no número de embriões somáticos e no incremento de matéria fresca e seca;
- b) Identificar proteínas diferencialmente acumuladas associadas aos efeitos do pré-tratamento de maturação com AgNO₃ durante a formação de embriões somáticos e sua participação em processos biológicos e vias metabólicas;
- c) Quantificar os níveis de hormônios vegetais associados efeitos do pré-tratamento de maturação com AgNO₃ durante a formação de embriões somáticos;
- d) Determinar os níveis de poliaminas endógenas livres influenciados pelos efeitos do pré-tratamento de maturação com AgNO₃.

3 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

3.1. Cultura da cana-de-açúcar

A cana-de-açúcar é uma cultura comercial de grande relevância mundial, pertencente à família das Poaceae (Welker et al., 2015), que possui importância na indústria alimentícia e de bioenergia (Figueroa-Rodríguez et al., 2019). Sua origem remonta-se à antiguidade no Sul e Sudeste Asiático (Singh et al., 2015), e sua domesticação e cultivo inicial remetem a várias regiões como Índia, China e Papua-Nova Guiné (Grivet et al., 2004). Esta cultura ocupa uma posição de destaque na economia brasileira, sendo de extrema importância na produção de açúcar e biocombustíveis (Lakshmanan et al., 2005). O Brasil, como líder mundial na produção desse cultivo (Cursi et al., 2022), é responsável por mais de 40% da safra mundial (Lin et al., 2024). No entanto, o 3º levantamento da safra 2024/25 estima uma produção de 678,67 milhões de toneladas, representando uma queda de 4,8% em relação à safra anterior, devido às condições climáticas adversas (Conab, 2024).

A cana-de-açúcar tem sua produtividade desafiada por diversos fatores bióticos como microrganismos e nematoides, e por fatores abióticos como alcalinidade do solo, seca, salinidade do solo e estresse hídrico (Gupta et al., 2023). Diante dessa problemática, os programas de melhoramento de cana-de-açúcar vêm, ao longo dos anos, centrando esforços na obtenção de cultivares cada vez mais aprimoradas, com alto teor de sacarose, resistentes a doenças e tolerantes

ao estresse (Singh et al., 2015). Contudo, a complexidade genômica da espécie *Saccharum* spp., resultante do cruzamento entre as espécies *S. officinarum* e *S. spontaneum*, apresenta um desafio considerável para o seu melhoramento genético.

A complexidade do genoma, com números cromossônicos distintos ($2n = 80$ e $2n = 40$ a 128) nas espécies parentais, culmina em uma variação significativa nos híbridos resultantes, com genomas variando de $2n = 100$ a 130 (D'Hont et al., 1996). Este cenário, caracterizado por poliploidia e aneuploidia, aliado à propagação vegetativa convencional, impõe desafios ao processo de melhoramento genético, por meio do pareamento aleatório dos cromossomos durante o cruzamento e na formação de recombinantes que interferem na distribuição de alelos favoráveis e não favoráveis (Arruda, 2012).

O melhoramento da cana-de-açúcar é um processo longo que envolve a seleção de indivíduos superiores com alelos favoráveis na geração F1, que pode levar de 10 a 14 anos para a produção de uma cultivar comercial (Snyman et al., 2011). As cultivares modernas são oriundas de híbridos poliploides complexos, obtidos por meio da hibridização interespecífica entre as espécies *S. officinarum* e *S. spontaneum* (Piperidis et al., 2010). O complexo genoma dos híbridos faz com que cada cruzamento realizado seja um evento único e aleatório, impondo um severo desafio para o seu aprimoramento (Grivet e Arruda, 2002). Diante dessas dificuldades, as técnicas de transformação genética emergem como uma estratégia viável para o melhoramento dessa cultura (Lakshmanan et al., 2005).

Um dos pré-requisitos essenciais para o processo de transformação genética é o estabelecimento de protocolos eficientes que permitam a regeneração de plantas *in vitro* (Arruda, 2012). Sendo assim, a embriogênese somática em cana-de-açúcar tem sido amplamente investigada (Lakshmanan, 2006), dada a sua relevância na regeneração de plantas transformadas e na produção de mudas em larga escala (Snyman et al., 2006; Bello-Bello et al., 2018), o que tem contribuído significativamente para os avanços no melhoramento genético e na biotecnologia aplicada à cultura da cana-de-açúcar.

Os primeiros estudos sobre transformação genética em cana-de-açúcar surgiram na década de 1980, tendo como objetivo a obtenção de mudas resistentes à canamicina (Chen et al., 1987). Com os avanços nas técnicas de transformação genética e a otimização dos protocolos de regeneração de plantas *in vitro*, tornou-

se possível o desenvolvimento de diversas variedades geneticamente modificadas, visando resistência a estresses bióticos (Arvinth et al., 2010; Zhu et al., 2011; Weng et al., 2011) e abióticos (Wang et al., 2005; Zhang et al., 2006), aumento da produção de energia (Zale et al., 2016), modificação do teor de açúcar (Groenewald e Botha, 2008), entre outras melhorias agronômicas.

No Brasil, a primeira cana-de-açúcar transgênica foi aprovada para comercialização em 2017 pela Comissão Técnica Nacional de Biossegurança (CTNBio). A variedade CTC20BT, desenvolvida pelo Centro de Tecnologia Canavieira (CTC), confere resistência à broca-da-cana (*Diatraea saccharalis*) (CTNBio, 2019). Em 2018, a variedade CTC9001Bt foi aprovada para comercialização, apresentando resistência à mesma praga que a CTC20Bt. Embora ambas compartilhem o mesmo mecanismo de defesa contra a broca-da-cana (*Diatraea saccharalis*), a CTC9001Bt apresenta melhor eficácia (Oliveira et al., 2022).

3.2. Aspectos gerais da embriogênese somática

A cultura de tecidos vegetais consiste na cultura asséptica de células, tecidos, órgãos e seus componentes sob uma condição ambiental controlada *in vitro* (Thorpe, 2007). A origem da ideia remonta aos estudos de Haberlandt em 1902, quando ele propôs cultivar artificialmente células vegetais isoladas, o que o levou a introduzir o conceito de totipotência (Krikorian e Berquam, 1969). O emprego da cultura de tecidos vegetais permite não apenas a propagação comercial de plantas de interesse agronômico e espécies ameaçadas de extinção (Sharma et al., 2010; Sharma et al., 2016), mas também possibilita diversos estudos na área da bioquímica, biologia vegetal e biotecnologia agrícola, contribuindo para o entendimento do desenvolvimento vegetal (Thorpe, 2007). Dentre as técnicas de cultura de tecidos vegetais, a embriogênese somática emerge como a mais estudada, porém ainda permanece como uma das menos compreendidas (Fehér, 2015).

A embriogênese somática é uma abordagem pela qual os embriões somáticos são formados a partir de uma única célula ou conjunto de células somáticas (Zimmerman, 1993). Esse processo baseia-se no princípio da totipotência celular, no qual é possível regenerar uma planta completa a partir de

uma única célula somática (Vasil e Vasil, 1972). A indução da embriogênese somática requer condições específicas e diversos fatores influenciam na resposta da competência embriogênica como a espécie, a origem do explante, o meio de cultura, o tipo e concentração dos reguladores de crescimento utilizados, as fontes de nitrogênio e carbono (Nic-Can et al., 2015).

A embriogênese somática pode ser dividida em duas etapas (Osorio-Montalvo et al., 2018), sendo a etapa de indução necessária para desdiferenciação, totipotência e aquisição da competência embriogênica e a etapa de desenvolvimento para formação do embrião somático, que é morfologicamente diferente entre Liliopsida e Magnoliopsida (Osorio-Montalvo et al., 2018).

Os embriões somáticos produzidos durante a embriogênese somática são geneticamente idênticos à planta matriz e durante sua formação podem seguir duas rotas distintas: a direta, na qual os embriões formam-se a partir da superfície dos explantes, e indireta, caracterizada pela formação de calos antes da diferenciação em embriões somáticos (Fehér et al., 2003; Fehér, 2015). A embriogênese somática indireta é uma via muito requerida, devido a formação de calos embriogênicos que apresenta melhores resultados na utilização de técnicas de transformação genética como biobalística e via *Agrobacterium* (Arruda, 2012). Além disso, os embriões somáticos têm a capacidade de serem regenerados em plantas completas para a produção de mudas, têm potencial aplicação na produção de sementes sintéticas e podem ser empregados em pesquisas sobre eventos morfológicos, fisiológicos, moleculares e bioquímicos (Quiroz-Figueroa et al., 2006).

3.3. Embriogênese somática em cana-de-açúcar

A embriogênese somática para a cultura da cana-de-açúcar representa um grande potencial para o aumento da produção e redução de custos, superando a propagação vegetativa convencional (Heringer et al., 2017). O primeiro trabalho com regeneração de calos de cana-de-açúcar surgiu no final da década de 60, em que explantes como ápices de brotações, folhas e inflorescências foram acondicionados em meio de cultura contendo 2,4-D, no qual permitiu a formação de calos com competência para formação de brotos e raízes *in vitro* (Heinz e Mee, 1969). Nesse sentido, diversos trabalhos ao longo dos anos buscaram estabelecer

protocolos de alta eficiência na regeneração de cana-de-açúcar *in vitro* e compreender os mecanismos moleculares por trás da regulação desse processo (Lakshmanan, 2006).

Na busca por protocolos mais eficientes que levem a regeneração de um maior número de embriões somáticos de genótipos de cana-de-açúcar comercial, estudos testando diferentes concentrações de 2,4-D e adição de vários tipos de PGRs ao meio de cultivo mostraram que a aquisição da competência embriogênica é dependente do genótipo em cana-de-açúcar (Kaur e Kapoor, 2016; Jamil et al., 2017). O 2,4-D é PGR mais utilizado para indução da embriogênese somática em cana-de-açúcar e sua retirada do meio de cultura para regeneração dos embriões somáticos é essencial (Jiménez, 2005). Tendo em vista que, longos períodos de subcultivos com 2,4-D afetam o metabolismo das poliaminas, por meio do aumento das concentrações de putrecina (Put) e espermidina (Spd). Além disso, alteram a expressão de proteínas essenciais para a embriogênese somática, incluindo a late embryogenesis abundant protein (LEA), a heat shock protein Hsp90, oil body-associated protein 1A e methyl-CpG-binding domain, ocasionando a diminuição na competência embriogênica (Passamani et al., 2020).

Seguindo nesta linha de raciocínio, o trabalho de Reis et al., (2021) contribuiu grandemente para otimização do protocolo de embriogênese somática em cana-de-açúcar, tendo em vista que a adição de uma etapa de pré-tratamento sem 2,4-D aumentou significativamente o número de embriões somáticos por meio do aumento do conteúdo de ABA e diminuição dos níveis de ACC e 2,4-D residual. Além disso, proteínas associadas ao acúmulo de reservas de armazenamento, como vicilina, lectina e globulinas, foram acumuladas no tratamento livre de 2,4-D (Reis et al., 2021).

Na etapa de indução da embriogênese somática ocorre a formação de calos embriogênicos que apresentam características como células arredondadas, núcleos proeminentes, citosol pequeno, ausência de grandes vacúolos e estruturas globulares bem-organizadas (Silveira et al., 2013). Em contrapartida, há formação de calos não embriogênicos que diferem morfologicamente dos calos embriogênicos por possuírem células dispersas, alongadas e vacuoladas, não formando embriões somáticos (Silveira et al., 2013).

Estudos proteômicos mostraram que, em calos embriogênicos, em meio de cultura com carvão ativado 1,5 g. L⁻¹, ocorreu a expressão de proteínas únicas

relacionadas à atividade do metabolismo celular e defesa celular contra estresse bióticos e abióticos, esse grupo inclui as proteínas como BURP domain-containing protein, dehydrogenase-like protein, nitric oxide synthase (NOS) interacting protein, callose synthase 1 catalytic subunit, UDP-sugar pyrophosphorylase-like, 3-deoxy-d-arabino heptulosonate-7-phosphate synthase e cation transport protein chac (Heringer et al., 2015). Enquanto, em calos não embriogênicos na mesma condição ocorreu a expressão de proteínas únicas com atividade de ligação a lipídios e cromatina, que podem interagir com outras proteínas para bloquear sinais externos e impedindo respostas a estímulos, nesse grupo estão as pleckstrin homology domain-containing protein 1, e a MYB-like DNA-binding domain containing protein (Heringer et al., 2015). Além disso, dados fosfoproteômicos demonstraram a regulação de fosfoproteínas relacionadas à indução do ABA e de respostas ao estresse biótico em calos embriogênicos (Almeida et al., 2020). Enquanto em calos não embriogênicos foi observado a regulação de fosfoproteínas relacionadas à regulação negativa do ABA, sugerindo a participação de fosfoproteínas de resposta ao ABA na competência embriogênica (Almeida et al., 2020).

A fim de compreender a regulação da embriogênese somática em cana-de-açúcar abordagens proteômicas e fosfoproteômicas têm sido utilizadas para identificar proteínas e fosfoproteínas relacionadas a esse processo (Xavier et al., 2022). Análises proteômicas já foram empregadas na embriogênese somática da cana-de-açúcar, revelando uma associação entre um maior número de proteínas de bombas H⁺ e a aquisição da competência embriogênica (Passamani et al., 2018). Além disso, por meio de análise proteômica, observou-se uma maior abundância de proteínas relacionadas à metilação do DNA, com possível papel na diferenciação e desdiferenciação de calos embriogênicos de cana-de-açúcar submetidos a tratamentos com diferentes comprimentos de luz WmBdRfR (Heringer et al., 2017). Outro trabalho destacou o papel da poliamina putrescina na aquisição da embriogênese somática em cana-de-açúcar, promovendo a acumulação de proteínas como arabinogalactanas, peroxidases, proteínas de choque térmico, glutationa S-transferases e proteínas 14-3-3, as quais estão relacionadas à embriogênese somática (Reis et al., 2016).

3.4. Regulação da embriogênese somática

Um dos principais fatores que influenciam no processo da embriogênese somática são os reguladores de crescimento vegetal (PGRs), que incluem substâncias sintéticas ou hormônios vegetais (Gaspar et al., 1996). Dentre esses, os principais envolvidos nas respostas da embriogênese somática incluem as auxinas, citocininas, giberelinas, ácido abscísico (ABA) e etileno (Jiménez, 2005). O 2,4-D, um herbicida sintético, com efeito auxínico, é o regulador de crescimento vegetal (PGR) mais comumente utilizado para a indução da embriogênese somática em plantas (Fehér et al., 2003). Durante esse processo, o 2,4-D desencadeia respostas ao estresse, reprogramação da expressão genética, tradução de proteínas, alterações nos níveis hormonais, regulação epigenética e modificações pós-tradicionais, promovendo a transição celular para um estado embrionário (Fehér, 2019). No entanto, sua retirada na etapa de desenvolvimento é necessária para formação dos embriões somáticos (Jiménez, 2005).

Com a retirada do 2,4-D, há um aumento na síntese de auxinas endógenas na região periférica do calo, impulsionado pela expressão dos genes *YUCCA* (*YUC*) (Bai et al., 2013). Em seguida, ocorre a produção da proteína *PINFORMED1* (*PIN1*), responsável por direcionar o efluxo de auxina para os aglomerados de células periféricas (Su et al., 2009). Por outro lado, nas regiões com menores níveis de auxinas endógenas, há a indução da expressão do gene *WUSCHEL* (*WUS*), promovendo a formação do meristema radicular (Su et al., 2009).

Além das auxinas, as citocininas são reguladores importantes em sistemas embriogênicos, elas atuam em processos como divisão celular, regeneração, indução de brotos e juntamente com as auxinas determinam o destino celular na embriogênese somática (Asghar et al., 2023).

O ABA é um hormônio que pode ser induzido por tratamentos com auxina, por meio da regulação da enzima 9-cis-epoxicarotenóide dioxigenases e seu precursor xantoxal (Hansen e Grossmann, 2000). Sua importância na embriogênese somática foi demonstrado por meio do uso da fluridona, um forte inibidor da biossíntese do ABA, em que a formação dos embriões somáticos juntamente com a biossíntese local e o transporte de auxina foram inibidos (Su et al., 2013).

As giberelinas são conhecidas por serem antagônicas ao ABA, promovendo a germinação (Shu et al., 2018), além disso, alguns trabalhos mostram sua eficiência na embriogênese somática (Ruduś et al., 2002; Shu et al., 2018).

O etileno é um hormônio gasoso que durante a embriogênese somática pode ser induzido por tratamento auxínicos, por meio da regulação da enzima sintase de 1-aminociclopropano-1-carboxílico (ACCS) (Santner et al., 2009), e pode até mesmo desencadear a biossíntese do ABA (Hansen e Grossmann, 2000).

Dentre os muitos genes regulados durante a embriogênese somática, a família de genes *SOMATIC EMBRYOGENESIS RECEPTOR-LIKE KINASE* (SERK) desempenha um papel crucial em processos que incluem diferenciação/transdiferenciação e totipotência celular (Pilarska et al., 2016). Estudos anteriores destacam um aumento na expressão dessa família de genes em células embriogênicas de *Arabidopsis thaliana* (Hecht et al., 2001). Além disso, pesquisas adicionais demonstraram que essa família de genes apresenta expressão diferencial específica em resposta a diferentes reguladores de crescimento (Singh e Sinha, 2017).

Outras famílias importantes de genes envolvidas na embriogênese somática incluem as famílias *LEAFY COTYLEDON* (*LEC*), *WUS* e *BABYBOOM* (*BBM*). Esses genes desempenham papéis fundamentais em processos como fotossíntese (Pelletier et al., 2017), estabelecimento do meristema apical do caule (Ikeda et al., 2009) e regulação da totipotência (Irikova et al., 2012). Além disso, genes identificados como marcadores de identidade embriogênica, como *BBM* e *LEC*, foram detectados em embriões somáticos de cana-de-açúcar, com o gene *BBM* apresentando alto nível de expressão nas fases iniciais da embriogênese somática e o gene *LEC* demonstrando altos níveis de expressão ao longo de toda a fase (Maulidiya et al., 2020).

3.5. Vias de biossíntese e sinalização de etileno

O etileno é um hormônio vegetal gasoso que é sintetizado e liberado pelos tecidos vegetais das plantas, sendo formado por uma molécula simples (C_2H_4) e de baixo peso molecular (Arshad e Frankenberger, 2002; Neves et al., 2021). Este hormônio influencia desde a promoção do crescimento vegetal até a senescência da planta a depender da concentração (Iqbal et al., 2017).

A biossíntese do etileno se dá por meio da conversão da metionina em etileno, sendo intermediada por três reações enzimáticas subsequentes, na primeira reação, a metionina é convertida em S-adenosilmetionina (SAM) pela enzima SAM-sintetase (SAMS), na segunda reação o SAM é convertido em ACC pela enzima ACC-sintetase (ACS) e, por fim, a enzima ACC-oxidase degrada o ACC liberando o etileno (Figura 1) (Wang et al., 2002).

Na última reação enzimática conduzida pela ACC oxidase é gerado, além do etileno, o CO₂ e cianeto, em seguida o cianeto sofre uma reação química catalisada pela enzima β-cianoalanina sintase para formar o β-cianoalanina a fim de controlar a toxicidade causada por este composto (Wang et al., 2002). O SAM é o principal doador de metil nas plantas sendo responsável pelas reações de metilação que causam modificações em lipídios, proteínas e ácidos nucléicos, além disso, é usado como substrato para diversas vias bioquímicas, incluindo as vias de biossíntese de poliaminas e etileno (Ravanel et al., 1998). A enzima ACS além de produzir ACC, ela também converte o SAM em 5-metiltioadenosina (MTA) que posteriormente pode ser convertida em metionina permitindo que ocorra a síntese contínua de etileno sem a necessidade de acúmulo de metionina, este processo é chamado de ciclo de Ciclo de Yang (Figura 1) (Bleecker e Kende, 2000).

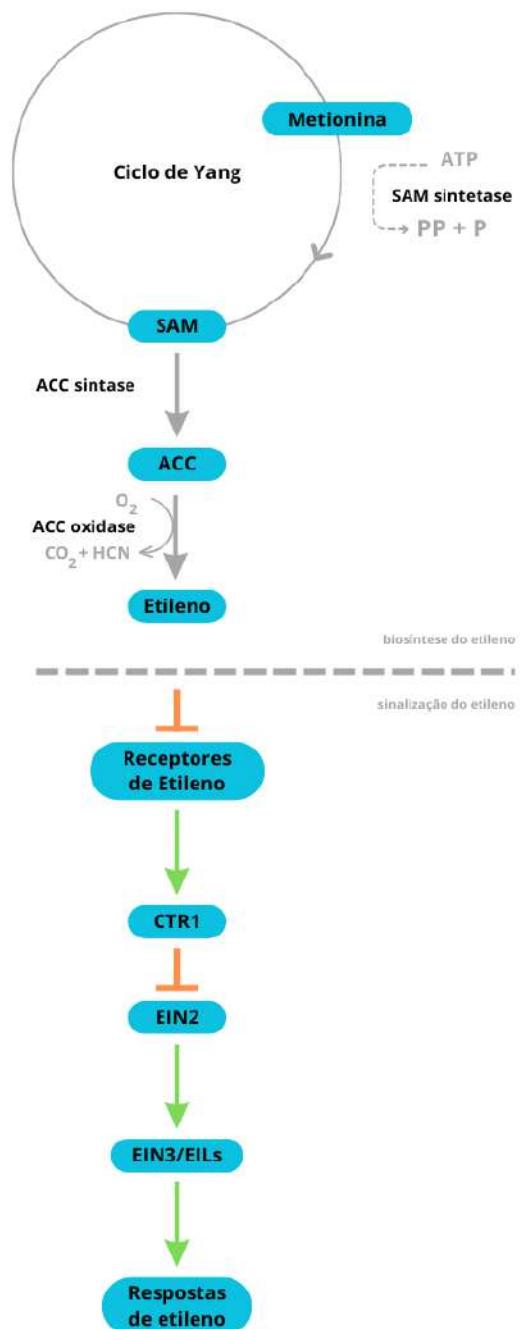


Figura 1: Visão geral esquemática da biossíntese de etileno e da via de sinalização canônica. Adaptado de Neves et al. 2021.

Após a biossíntese do etileno são desencadeadas inúmeras vias de sinalização que provocarão uma resposta biológica específica nos tecidos vegetais (Johnson e Ecker, 1998). Em *Arabidopsis thaliana* foram identificadas cinco

isoformas de receptores de etileno, sendo elas *ETHYLENE RESISTANT1* (ETR1), ETR2, *ETHYLENE INSENSITIVE4* (EIN4), *ETHYLENE RESPONSE SENSOR1* (ERS1) e (ERS2) (Neves et al., 2021). No entanto, o ETR1 foi o primeiro receptor identificado e clonado em *Arabidopsis thaliana* (Bleecker et al., 1988; Chang et al., 1993). Essas isoformas apresentam poucas diferenças estruturais entre si, sendo que todas possuem, em sua porção N-terminal, três α-hélices transmembranares contendo um íon cobre Cu^+ , que formará o sítio de ligação do etileno (Lacey e Binder, 2014). A localização desses receptores de etileno em espécies como *Arabidopsis*, melão e tabaco, se concentra em sua maioria no retículo endoplasmático, no entanto, é possível que estes estejam localizados em outras membranas celulares (Chen et al., 2002; Grefen et al., 2008).

Para que ocorra a ligação do etileno nos receptores, localizados no RE, é necessário a presença de um íon metálico Cu^+ , que atua como cofator permitindo uma ligação específica e de alta afinidade do etileno aos seus receptores (Rodríguez et al., 1999). O principal componente da sinalização do etileno é o CTR1 que interage diretamente com os receptores na membrana (Shakeel et al., 2015). A via de sinalização do etileno em plantas tem início com a modificação química da proteína CTR1, que funciona como uma quinase no retículo endoplasmático, adicionando grupos fosfato ao EIN2 (Neves et al., 2021). Estudos proteômicos das respostas ao etileno em *Arabidopsis* revelaram que na ausência deste hormônio, a porção C-terminal do EIN2 é alvo de fosforilação em vários resíduos de Serina e Treonina, enquanto essa modificação não ocorre na presença do etileno (Qiao et al., 2012).

Na presença do etileno, a fosforilação do EIN2 é inibida, levando à clivagem proteolítica de sua porção C-terminal, o que permite sua liberação do retículo endoplasmático e sua translocação para o núcleo (Neves et al., 2021). No núcleo, o EIN2 clivado ativa uma série de eventos moleculares, como ativação de fatores de transcrição EIN3 e o seu homólogo EIL1, que resultam em expressão gênica diferencial e em resposta ao etileno, desempenhando um papel essencial no crescimento, desenvolvimento e adaptação das plantas ao ambiente (Ju e Chang, 2015; Binder, 2020).

3.6. Modulação do etileno e o efeito na embriogênese somática

Diversos estudos têm realizado a modulação do etileno por meio de inibidores de biossíntese ou sinalização, bem como fontes exógenas de etileno, com objetivo de compreender o seu papel nos inúmeros processos fisiológicos (Iqbal et al., 2013; Schaller e Binder, 2017). O cloreto de cobalto (CoCl_2) é um inibidor da biossíntese do etileno e sua ação se dá por meio da inibição da enzima ACO (Yu e Yang, 1979). Essa enzima pertence à superfamília de dioxigenases dependentes de 2-oxoglutarato e requer ferro como cofator para catalisar a conversão de ACC em etileno (Kawai et al., 2014). Entretanto, os íons de cobalto competem com o ferro pelo sítio ativo da enzima, resultando na redução ou até mesmo na supressão da síntese de etileno (Dilley et al., 1993). Além do CoCl_2 existem outros inibidores que atuam inibindo a biossíntese de etileno como, o aminoetoxivinilglicina (AVG) e o ácido aminooxiacético (AOA) (Amrhein e Wenker, 1979).

O nitrato de prata (AgNO_3) é um inibidor da ação do etileno e tem como alvo os receptores de etileno (Schaller e Binder, 2017). Os receptores de etileno e suas isoformas possuem um domínio altamente conservado que precisa de um cofator Cu^+ para recepção do etileno, dessa forma o AgNO_3 consegue inibir a ação do etileno por meio da substituição do Cu^+ pela Ag^+ bloqueando a sinalização do etileno (Binder et al., 2007; Lacey e Binder, 2014). Além do AgNO_3 é muito comum o uso de tiosulfato de prata (STS) para inibir ação do etileno (Neves et al., 2021).

Além do uso de inibidores de etileno é muito comum o uso de outros agentes que aumentem a síntese e ação do etileno como o ACC sintético e o ethephon (ETH). O precursor ACC tem sido uma estratégia muito utilizada no cultivo *in vitro*, pois aumenta a biossíntese do etileno pela ação da enzima ACO, que consequentemente, aumentará a produção de etileno (Lürssen et al., 1979). O ácido 2-cloroethylfosfônico conhecido como ethephon pode causar respostas semelhantes à de tratamentos com etileno exógeno, por esse motivo é muito utilizado para aumento dos níveis de etileno (Yang, 1969). O local de atuação de cada modulador está representado na Figura 2

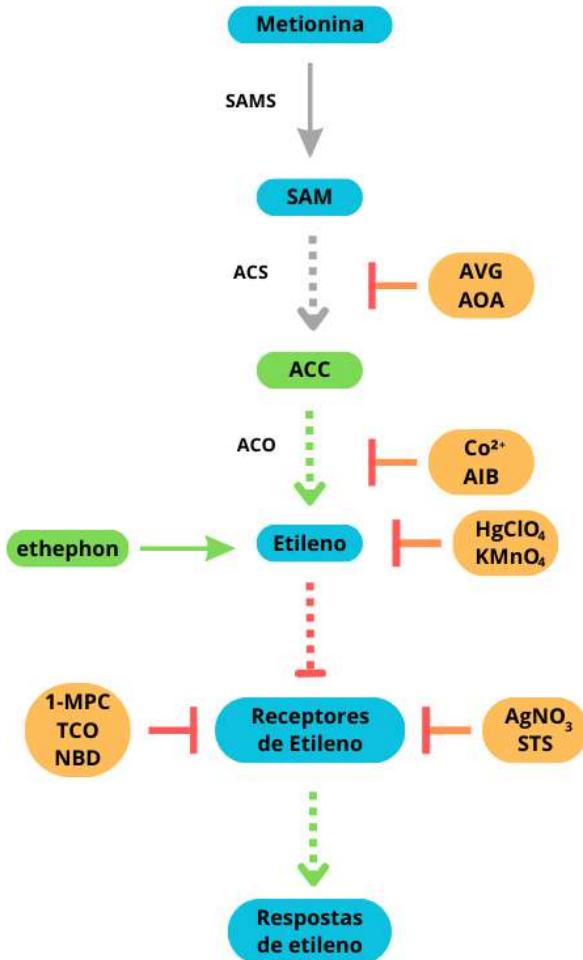


Figura 2. Diagrama esquemático de alguns dos principais moduladores do etileno e seus pontos de ação. Adaptado de Neves et al. 2021.

O efeito da inibição da biossíntese do etileno na embriogênese somática foi demonstrado no trabalho de Roustan et al. (1989), onde os tratamentos com suspensões celulares de cenoura tratados com cloreto de cobalto apresentaram um aumento significativo na quantidade de embriões somáticos. Além disso, medições de etileno confirmaram que o número de embriões aumentou devido à diminuição da produção de etileno, já quando tratados com ETH (69,2 e 692 µM) foi verificado a diminuição no número de embriões somáticos (Roustan et al., 1989).

O estudo de Nautiyal et al. (2023) examinou o papel do cloreto de cobalto, um inibidor da biossíntese do etileno, e do nitrato de prata, um inibidor da ação do etileno na embriogênese somática de *Azadirachta indica* A. Juss (Neem), observando que concentrações crescentes tanto de CoCl_2 quanto de AgNO_3 resultaram em uma redução significativa na regeneração de embriões somáticos. Por outro lado, o CoCl_2 foi mais eficiente na inibição da embriogênese somática sugerindo seu papel na inibição da produção endógena de etileno, uma vez que afeta negativamente a capacidade de regeneração dos tecidos (Nautiyal et al., 2023).

Fuentes et al. (2000) trabalhando com cinco genótipos de *Coffea canephora* (café robusta) submetidos a tratamentos com nitrato de prata, observaram que nas concentrações de 30 e 60 μM ocorrem altas taxas de formações de embriões somáticos, mas quando submetidos a elevadas concentrações de nitrato de prata (150 e 300 μM) houve redução na formação de embriões somáticos. Essa queda na formação de embriões somáticos pode estar relacionada à toxicidade do nitrato de prata e não ao efeito inibitório na percepção do etileno (Fuentes et al., 2000)

Estudo realizado com explantes foliares de (*Solanum betaceum*) tamarilho mostrou que o uso de nitrato de prata ou AVG promove a formação de calos não-embriogênicos, e o uso do ETH promove a formação de calos embriogênicos durante a etapa de indução (Neves, 2018). Após a transferência dos calos para um meio de cultura livre de auxina e enriquecido com nitrato de prata ou AVG foi observado um aumento na formação de embriões somáticos, em contrapartida, na presença do ETH ocorreu o bloqueio do desenvolvimento (Neves, 2018).

No entanto, o trabalho de Mantiri et al. (2008) mostrou que a promoção do etileno pode ser favorável para a embriogênese somática na espécie de *Medicago truncatula*, em que o uso de 10 μM de ACC e 100 μM de metilgioxal bis (guanilhidrazona) (MGBG) apresentaram melhores taxas na indução de embriões somáticos. Esses tratamentos também influenciaram no aumento da expressão de genes relacionados à síntese de ACS e ACO (Mantiri et al., 2008).

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Material vegetal

Segmentos nodais contendo gemas de cana-de-açúcar (*Saccharum* spp.) variedade SP-8032-80 foram coletados, individualizados e colocados em bandejas plásticas contendo substrato Plantmax® (DDL Agroindústria, Paulínia, SP, Brasil). Em seguida, foram mantidos em casa de vegetação por aproximadamente 60 dias para a brotação, até que as plantas atingissem cerca de 45 cm de altura.

4.2. Indução e obtenção de calos embriogênicos

O processo de indução e obtenção de calos embriogênicos foi baseado na metodologia descrita por Passamani et al. (2018). Plantas com aproximadamente 45 cm de altura foram coletadas e desinfestadas em câmera de fluxo laminar. A etapa de desinfestação consistiu na remoção das folhas maduras e no selamento das extremidades dos rolos foliares com parafina, seguido da imersão do material em solução contendo álcool etílico 70% (Sigma-Aldrich, St. Louis, EUA) por 1 minuto. Em seguida, o material foi imerso em solução de hipoclorito de sódio comercial a 50% (Qboa®, Anhembi S/A, São Paulo, Brasil), contendo de 2 a 2,5% de hipoclorito de sódio, por 30 minutos. A etapa foi finalizada com três lavagens consecutivas em água tipo 2, desionizada e autoclavada.

A partir do cilindro central asséptico, foram realizadas cortes transversais de aproximadamente 2 a 3 mm, e os discos resultantes foram inoculados em tubos de ensaio (150×25 mm) contendo 10 mL de meio de cultura MS (Murashige e Skoog, 1962) (Phytotechnology Lab, Overland Park, EUA), suplementado com 20 g L^{-1} de sacarose, 2 g L^{-1} de Phytigel® (Sigma-Aldrich) e $10\text{ }\mu\text{M}$ de 2,4-D (Sigma-Aldrich). O pH do meio de cultura foi ajustado para 5,8 e autoclavado a 121°C por 15 minutos. Os tubos contendo os explantes foram mantidos no escuro a $25 \pm 1^\circ\text{C}$ por 45 dias. Após esse período, os calos embriogênicos e não embriogênicos foram selecionados com base em suas características morfológicas, conforme estabelecido por Silveira et al. (2013). Os calos não embriogênicos foram descartados, enquanto os calos embriogênicos foram transferidos para placas de Petri (90×15 mm) contendo 20 mL do mesmo meio de indução e submetidos a três ciclos de subcultura de 21 dias no escuro a $25 \pm 1^\circ\text{C}$, visando à multiplicação do material vegetal.

4.3. Pré-tratamento de maturação com inibidores de etileno em calos embriogênicos

Após a terceira subcultura, os calos foram transferidos para o pré-tratamento de maturação, em meio de cultura MS isento de reguladores de crescimento vegetal (PGRs), suplementado com 20 g L^{-1} de sacarose e 2 g L^{-1} de Phytigel. O pH do meio de cultura foi ajustado para 5,8 antes da autoclavagem a 121°C por 15 minutos (Reis et al., 2021). Nitrato de prata (AgNO_3 ; Merck, Darmstadt, Alemanha) ou cloreto de cobalto (CoCl_2 ; Sigma-Aldrich, St. Louis, MO, EUA) foram adicionados aos demais meios de cultura nas concentrações de 0,5 e $5\text{ }\mu\text{M}$ em câmera de fluxo laminar. O meio de cultura sem inibidores de etileno foi considerado o controle. O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado (DIC), contendo cinco tratamentos com seis repetições, sendo cada repetição composta por uma placa de Petri contendo quatro calos embriogênicos, cada um com 250 mg de matéria fresca (MF). As placas foram mantidas no escuro a $25 \pm 1^\circ\text{C}$ por 21 dias.

4.4. Maturação de calos embriogênicos

Após 21 dias de pré-tratamento de maturação com AgNO₃, CoCl₂ e condição sem inibidores (controle), os calos embriogênicos foram transferidos para o meio de cultura de maturação, isento de PGRs e inibidores de etileno, composto por meio de cultura MS suplementado com 30 g L⁻¹ de sacarose e 2 g L⁻¹ de Phytagel. As placas foram mantidas no escuro por sete dias e, em seguida, transferidas para uma sala de crescimento com fotoperíodo de 16 horas de luz (GreenPower TLED 20-W WmB; Koninklijke Philips Electronics NV, Amsterdam, Holanda), intensidade luminosa de 55 µmol m⁻² s⁻¹ e temperatura de 25±1°C, até completar 42 dias de cultivo. Seis placas por tratamento foram utilizadas para análises morfológicas aos 0, 28 e 42 dias de maturação. Ao final dos 42 dias, foi realizada a contagem do número de embriões somáticos formados e mensurada a matéria fresca (MF) e matéria seca (MS). A avaliação da matéria fresca foi realizada em um experimento com cinco repetições por tratamento, sendo cada repetição composta por quatro calos de 250 mg, totalizando 1000 mg por repetição. Para determinação da matéria seca, foram padronizados 300 mg por repetição de cada tratamento, e os calos foram secos em estufa a 60°C por 48 horas. O percentual de matéria seca foi calculado com base na diferença entre a massa inicial (antes da secagem) e a massa final (após a secagem). Os dados foram submetidos à análise de variância (ANOVA) ($P<0,05$) e ao teste de médias SNK a 5% de probabilidade, realizados no software R versão 4.4.1 (R CORE TEAM, 2024) e no pacote Agricolae (Mendiburu, 2019).

Com base nos dados obtidos, foram realizadas análises proteômicas, quantificação de hormônios (ACC, IAA e ABA) e quantificação de poliaminas endógenas nos tratamentos controle, 0,5 µM AgNO₃ e 5 µM AgNO₃.

4.5. Análise proteômica

4.5.1 Extração e digestão de proteínas

A análise proteômica foi realizada nos tratamentos controle, 0,5 µM AgNO₃ e 5 µM AgNO₃ ao final da fase de pré-tratamento de maturação. Três réplicas

biológicas (300 mg de matéria fresca) de calos embriogênicos de cada tratamento foram utilizadas. As amostras foram maceradas em nitrogênio líquido e transferidas para microtubos de 1,5 mL para extração e digestão de proteínas. As amostras foram extraídas adicionando 1 mL de tampão composto por 7M de Ureia (GE Healthcare, Freiburg, Alemanha), 2M de Tioureia (GE Healthcare), 2% de Triton X-100 (GE Healthcare), 1% de Ditiotreitol (DTT, GE Healthcare), 1 mM de Fluoreto de Fenilmetanosulfonila (PMSF, Sigma-Aldrich). A quantificação de proteínas foi realizada utilizando o método de Bradford (Bradford, 1976) (Bio-Rad Laboratories, Hercules, CA, EUA).

Todas as amostras foram analisadas comparativamente utilizando a estratégia de proteômica *shotgun label-free*. As amostras foram precipitadas pelo método metanol/clorofórmio para remover interferentes (Nanjo et al., 2012). Após a precipitação das proteínas, as amostras foram ressuspensas em uma solução de 7M de ureia/2M de tioureia. As proteínas foram digeridas com tripsina (V5111; Promega, Madison, WI, EUA; proporção final 1:100 enzima:proteína) utilizando a preparação de amostras assistida por filtro (FASP) (Millipore, Billerica, MA, EUA) (Burrieza et al., 2019). Os peptídeos foram secados a vácuo e solubilizados em 50 µL de uma solução contendo 5% (v/v) de acetonitrila (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA, EUA) e 0,1% (v/v) de ácido fórmico (Sigma-Aldrich) em água de grau para espectrometria de massas (MS) (Sigma-Aldrich). A concentração de peptídeos foi estimada medindo-se a absorbância a 205 nm utilizando um espectrofotômetro NanoDrop 2000c (Thermo Fisher Scientific, Waltham, EUA).

4.5.2 Análise de espectrometria de massa

Na análise por espectrometria de massas foi utilizado um sistema de cromatografia líquida de ultra eficiência, nanoAcquity UPLC M-class (Waters, Manchester, Reino Unido), acoplado a um espectrômetro de massas Synapt G2 Si (Waters, Manchester, Reino Unido), equipado com uma fonte de ionização por electrospray (ESI)-MS/MS. Foram carregados 2 µg de peptídeos em uma coluna de pré-concentração C18 (100 Å, 5 µm, 180 µm × 20 mm, 2D; Waters) a um fluxo de 5 µL min⁻¹ por 3 minutos, seguida pela transferência para uma coluna analítica em fase reversa HSS T3 (100 Å, 1.8 µm, 75 µm × 150 mm; Waters) a um fluxo de 400 nL min⁻¹ e mantida aquecida a 45°C. Na separação dos peptídeos foi utilizado

um gradiente binário, com a fase móvel A composta por água MS, com 0,1% de ácido fórmico, e fase móvel B composta por acetonitrila contendo 0,1% de ácido fórmico. O gradiente começou com 5% da fase B, aumentando para 40% até 92 minutos, e de 40% para 99% até 96 minutos, permanecendo em 99% até o minuto 100. Posteriormente, a fase B foi reduzida novamente para 5% até o minuto 102 e mantida nessa proporção até o final da corrida, aos 118 minutos.

O espectrômetro de massas foi operado em modo positivo de alta resolução (modo V) e aquisição de dados independente (DIA) com uma resolução de 35.000 FWHM em mobilidade iônica (HDMS^E). No modo de alta energia, a energia de colisão foi ajustada de 25 a 55 V. A voltagem do cone foi ajustada para 40 V, enquanto a voltagem da capilar foi mantida a 2800 V. A pressão do gás de nanofluxo foi de 0,5 bar, o fluxo de gás de purga foi ajustado para 150 L h⁻¹ e a temperatura da fonte foi mantida a 100°C. Nos parâmetros do analisador tempo-de-voo (TOF), o tempo de varredura foi ajustado para 0,5s em modo contínuo, cobrindo uma faixa de massa de 50 a 2000 Da. O padrão de calibração externa utilizado foi o [Glu1]-fibrinopeptídeo B humano (Waters) a 100 fmol µL⁻¹, e a aquisição da massa de bloqueio foi realizada a cada 30 segundos. Espectros de massas foram adquiridos e analisados utilizando o software MassLynx 4.1 (Waters).

4.5.3 Análise de dados proteômicos

Os dados espectrais de proteômica MS/MS foram processados e a base de dados foi pesquisada utilizando o software ProteinLynx Global SERVER (PLGS) v.3.02 (Waters) contra o banco de proteínas de *S. spontaneum* AP85-441 (Zhang et al., 2018) (versão do banco de dados: disponível em: Ensembl plants - v20190103). As configurações para o processamento dos dados brutos incluíam um limiar de energia baixa de 150 (contagens), limiar de energia alta de 50 e intensidade mínima de 750. Além disso, a análise foi realizada com os seguintes parâmetros: até 2 clivagens perdidas, pelo menos 3 íons fragmentados por peptídeo, no mínimo 7 íons fragmentados por proteína, pelo menos 2 peptídeos por proteína, modificações fixas de carbamidometilação e modificações variáveis de oxidação e fosforilação. A taxa de falso positivo (FDR) para a identificação de peptídeos e proteínas foi definida com um máximo de 1%, com um comprimento mínimo de 6 aminoácidos para os peptídeos. As quantificações *label-free* foram

realizadas usando a abordagem de quantificação TOP3, seguida por normalização multidimensional implementada no software ISOQuant v.1.7 (Distler et al., 2014). Os critérios para identificar proteínas foram: FDR de 1%, pontuação do peptídeo maior que 6, comprimento mínimo do peptídeo de 6 aminoácidos e pelo menos 2 peptídeos por proteína.

Para garantir a precisão dos resultados, apenas proteínas detectadas em todos os três replicados biológicos ou ausentes (no caso de proteínas únicas) foram incluídas na análise de acumulação diferencial. Proteínas com um teste t de Student significativo (bilateral; variâncias iguais; $p < 0.05$) foram classificadas como *up-regulada* se o \log_2 de razão entre tratamentos (*fold change*, FC) fosse maior que 0,6, ou *down-regulada* se o \log_2 FC fosse menor que -0,6. A anotação funcional foi realizada automaticamente usando o software OmicsBox V3.0 (<https://www.biobam.com>), complementada por anotação manual no UniProtKB (<https://www.uniprot.org>). Ortólogos de *Arabidopsis* de proteínas diferencialmente acumuladas (DAPs) foram utilizados para análise de enriquecimento (p -valor $< 0,05$) de processos biológicos, funções moleculares e vias KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) na ferramenta Metascape (Zhou et al., 2019). Eles também foram usados para prever redes de interação via STRING v12.0 (Szklarczyk et al., 2021), além de identificar quinases, fatores de transcrição e reguladores transcricionais utilizando o software iTAK (<http://itak.feilab.net/cgi-bin/itak/index.cgi>) (Zheng et al., 2016). Para desenvolver a rede de interação proteína-proteína, priorizou-se as proteínas que se acumularam ou tiveram sua abundância reduzida no tratamento com 0,5 μM de AgNO_3 , aquelas que se acumularam ou tiveram sua abundância reduzida no tratamento com 5 μM de AgNO_3 e aquelas que se acumularam em ambos os tratamentos, enriquecendo vias associadas à embriogênese somática. O pacote Mfuzz foi utilizado para análise de agrupamento dos DAPs ($p < 0,05$ e \log_2 FC $> 0,6$ ou $<-0,6$) em pelo menos uma comparação entre as diferentes concentrações dos tratamentos com nitrato de prata (Kumar e Futschik, 2007).

4.6. Quantificação de hormônios vegetais

Para a quantificação de hormônios vegetais, três repetições biológicas (250 mg de massa fresca por amostra) de calos embriogênicos ao final do pré-

tratamento de maturação foram coletadas para os tratamentos controle, 0,5 µM e 5 µM de AgNO₃. A extração hormonal foi realizada seguindo o protocolo de Silveira et al. (2004), com modificações. As amostras foram maceradas em nitrogênio líquido e homogeneizadas em 1,5 mL de tampão de extração contendo 80% de etanol (Merck) e 1% de polivinilpirrolidona (PVP, Sigma-Aldrich) em microtubos de 2 mL. Os extratos foram sonicados por 10 minutos e vortexados por 10 minutos a 4°C, seguidos de centrifugação a 16.000 × g por 10 minutos a 4°C. Os sobrenadantes foram coletados e secos a vácuo a 45°C até aproximadamente 20% do volume inicial (300 µL). Os extratos secos foram ajustados para um volume de 500 µL com água Milli-Q, e o pH foi ajustado para 3,0 utilizando ácido acético a 30% (v/v) (Sigma-Aldrich). Para o fracionamento dos hormônios vegetais, 1 mL de éter etílico (Sigma-Aldrich) foi adicionado a cada amostra e vortexado para separar as fases orgânica e inorgânica. Os tubos foram congelados em nitrogênio líquido por 10 segundos, e a camada orgânica (não congelada) foi então transferida para um novo microtubo de 1,5 mL e completamente evaporada sob vácuo a 45°C. As amostras secas foram ressuspensas em 200 µL de uma solução 90:10 de água:metanol (grau MS; Tedia, Fairfield, USA), filtradas através de filtros de seringa PVDF de 0,2 µm (13 mm; Kinesis Ltd., Cambridgeshire, UK) e transferidas para vials para análise por espectrometria de massa.

A cromatografia líquida e a espectrometria de massas (LC-MS/MS) foram realizadas utilizando um sistema Acquity UPLC I-Class FTN (Waters, Manchester, UK) conectado a um espectrômetro de massa triplo quadrupolo, equipado com uma fonte de ionização por eletrospray (ESI) dual ortogonal de alto desempenho Z-spray (Waters). Os metabólitos foram separados injetando 10 µL da solução recuperada da extração em uma coluna BEH C18 (1,7 µm, 2,1 × 50 mm) mantida a 40°C, com uma taxa de fluxo de 300 µL min⁻¹. O gradiente binário utilizou água grau LC-MS com 0,01% de ácido fórmico e metanol grau LC-MS com 0,01% de ácido fórmico como eluentes. A eluição por gradiente iniciou com 10% de metanol por dois minutos, aumentando linearmente de 10% para 90% aos seis minutos, e depois para 100% aos sete minutos. O gradiente foi reduzido novamente para 10% durante 50 segundos e mantido em 10% até o experimento ser concluído aos nove minutos. Para a aquisição por espectrometria de massa, foi utilizado um nebulizador pressurizado com gás nitrogênio a 7 bar, um fluxo de dessolvatação de 1000 L h⁻¹ e uma taxa de fluxo de cone de 150 L h⁻¹. A temperatura de dessolvatação foi

ajustada para 650°C, a temperatura da fonte foi 150°C e a voltagem do capilar foi 3 kV. No espectrômetro de massa em tandem (MS/MS), utilizou-se gás argônio como gás de colisão com uma pressão de 0,8 kgf cm² na célula de colisão. A aquisição foi programada para operar no modo de monitoramento de reações múltiplas (MRM), com voltagem do cone, energia de colisão e massas de precursor e fragmento específicas para cada hormônio estudado. Os espectros de massa foram adquiridos utilizando o software MassLynx v4.2 (Waters), com espectros metabolômicos suavizados por médias de dois pontos. As áreas dos picos de ácido abscísico (ABA), ácido 1-aminociclopropano-1-carboxílico (ACC) e ácido indol-3-acético (IAA) foram estimadas a partir de uma curva padrão em concentrações de 0 a 200 pg, utilizando o software TargetLynx XS (Waters). As médias das três repetições biológicas por tratamento foram analisadas estatisticamente pelo teste SNK, determinando diferenças significativas entre as médias ao nível de 5% de probabilidade.

4.7. Determinação de poliaminas endógenas livres (PAs)

A determinação de poliaminas livres seguiu o protocolo descrito por (Aragão et al., 2017). As poliaminas endógenas livres foram determinadas ao final do pré-tratamento de maturação no controle e nos tratamentos com 0,5 µM de AgNO₃ e 5 µM de AgNO₃. Três repetições biológicas (200 mg de matéria fresca) de calos embriogênicos de cada tratamento foram maceradas em ácido perclórico a 5% (Merck, Darmstadt, Alemanha). Após incubação a 4°C por 1 hora, as amostras foram centrifugadas a 20.000 x g por 20 minutos na mesma temperatura. O sobrenadante resultante foi coletado para a análise das poliaminas livres, que foram derivatizadas com cloreto de dansila (Merck). A identificação e quantificação das poliaminas foram realizadas por cromatografia líquida de alta eficiência (HPLC; Shimadzu, Kyoto, Japão) utilizando uma coluna de fase reversa Shimadzu Shin-pack CLC ODS C18 (5 µm).

O gradiente cromatográfico foi estabelecido com a adição progressiva de acetonitrila absoluta (Merck) a uma solução aquosa contendo 10% de acetonitrila (pH ajustado para 3,5 com ácido clorídrico, Merck). O gradiente iniciou com 65% de acetonitrila nos primeiros 10 minutos, aumentando para 100% entre 10 e 13 minutos, e sendo mantido em 100% de 13 a 21 minutos, com um fluxo constante

de 1 mL min⁻¹ a 40°C. A detecção das poliaminas foi realizada por um detector de fluorescência configurado para excitação a 340 nm e emissão a 510 nm. As áreas e os tempos de retenção dos picos das poliaminas foram comparados com padrões comerciais de Putrescina (Put), Espermidina (Spd) e Espermina (Spm) fornecidos pela Sigma-Aldrich. As médias das três repetições biológicas por tratamento foram analisadas estatisticamente utilizando o teste SNK para determinar diferenças significativas entre as médias ao nível de 5% de probabilidade.

5. RESULTADOS

5.1. Efeitos do pré-tratamento de maturação com AgNO₃ e CoCl₂ na diferenciação e no desenvolvimento de embriões somáticos de cana-de-açúcar

Após 21 dias de pré-tratamento de maturação com inibidores de etileno, os calos foram transferidos para o meio de cultura de maturação, livre de AgNO₃ e CoCl₂, e mantidos sob luz para promover a diferenciação dos embriões somáticos. Os aspectos morfológicos dos calos foram avaliados aos 0, 28 e 42 dias de maturação (Figura 3f). No tempo 0, não foram observadas diferenças visuais significativas na morfologia dos calos, que apresentavam características uniformes de coloração amarelada e estrutura compacta (Figura 3: A, D, G, K e N). Após 28 dias de maturação, já havia sinais de diferenciação, com o aparecimento de pontos de clorofila e pigmentos de antocianina na superfície dos calos (Figura 3: B, E, I, L e O). Ao final de 42 dias de maturação, foi possível observar a formação de embriões somáticos nos tratamentos controle, 0,5 µM CoCl₂ e 5 µM CoCl₂ (Figura 3: C, F e J). No tratamento com 0,5 µM de AgNO₃, houve um número significativamente maior de embriões somáticos (Figura 3: M). No entanto, no tratamento com 5 µM de AgNO₃, observou-se uma menor formação de embriões somáticos, bem como altos níveis de oxidação nos calos, possivelmente devido à fitotoxicidade do nitrato de prata (Figura 3: P).

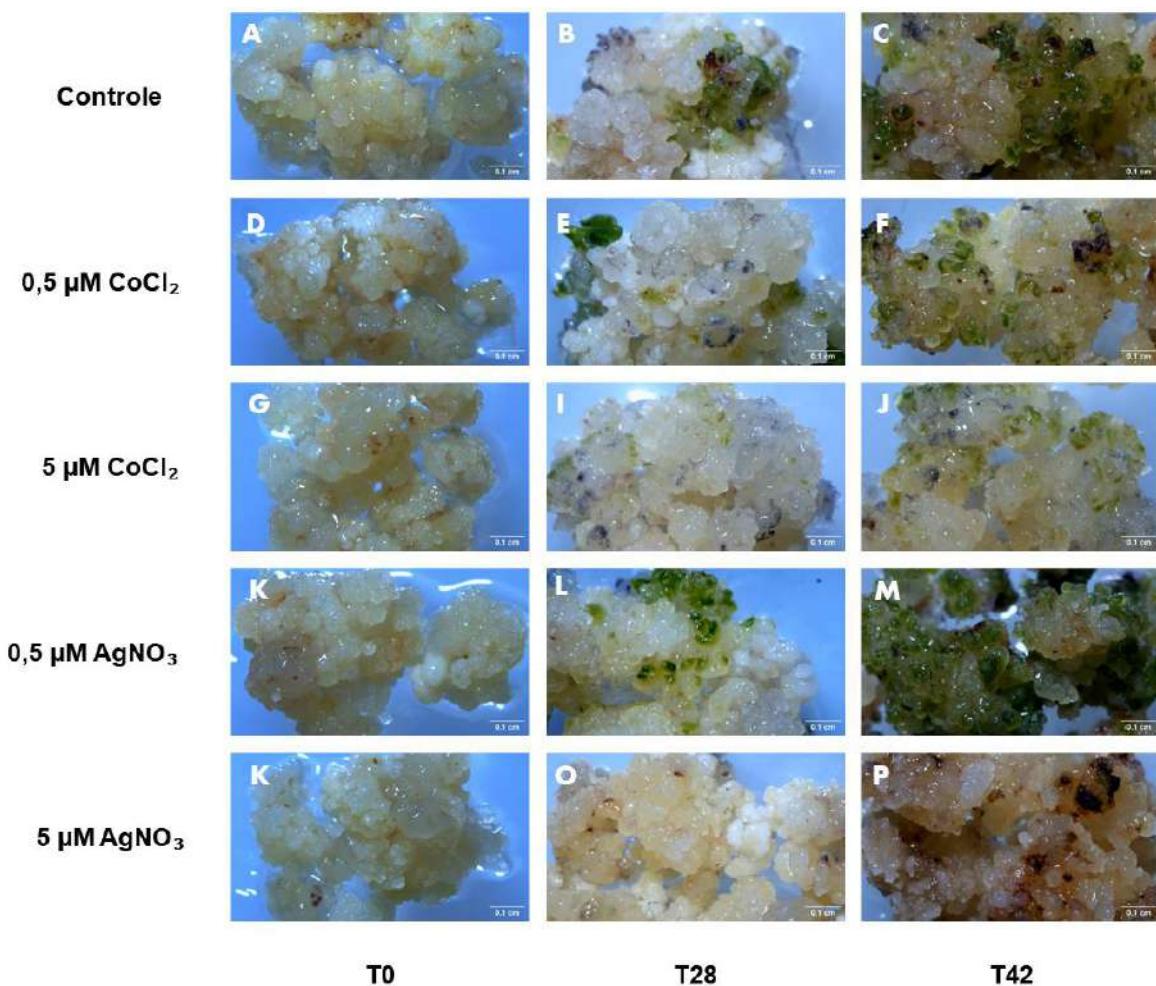


Figura 3. Aspectos morfológicos dos calos embriogênicos de cana-de-açúcar durante a fase de maturação. A-C Controle; D-F $0,5 \mu\text{M}$ CoCl_2 ; G-J $5 \mu\text{M}$ CoCl_2 ; K-M $0,5 \mu\text{M}$ AgNO_3 ; N-P $5 \mu\text{M}$ AgNO_3 . T0 = 0, T28 = 28 e T42 = 42 dias de maturação.

Os embriões somáticos foram avaliados quanto ao número de embriões e ao aumento da matéria fresca e seca ao final de 42 dias de maturação (Tabela 1). Os tratamentos contendo CoCl_2 nas concentrações de $0,5$ e $5 \mu\text{M}$ não diferiram estatisticamente do controle em relação ao número de embriões somáticos, ao teor de matéria fresca e seca. Por outro lado, o tratamento com AgNO_3 $0,5 \mu\text{M}$ resultou em um aumento significativo no número de embriões somáticos, atingindo 65,5, e no incremento de matéria seca ($0,02158 \text{ g}$), sendo estatisticamente superior aos demais tratamentos, embora não tenha apresentado diferenças significativas no incremento de matéria fresca (Tabela 1). Em contraste, o tratamento com AgNO_3 $5 \mu\text{M}$ apresentou uma redução significativa no número de embriões somáticos (15,6) entre os tratamentos, com exceção do tratamento com CoCl_2 $5 \mu\text{M}$, não mostrando

diferença estatística em relação ao controle e aos tratamentos com cloreto de cobalto quanto ao incremento de matéria fresca e seca (Tabela 1).

Tabela 1. Avaliação dos efeitos de diferentes concentrações de AgNO_3 e CoCl_2 no desenvolvimento de embriões somáticos de cana-de-açúcar

Tratamentos	Número de embriões	Matéria fresca (g)	Matéria seca (g)
Controle	40,1 b	4,8090 a	0,01732 b
AgNO_3 0,5	65,5 a	4,5408 a	0,02158 a
AgNO_3 5	15,6 c	4,6386 a	0,01526 b
CoCl_2 0,5	46,4 b	5,1434 a	0,01740 b
CoCl_2 5	31,1 bc	4,4094 a	0,01812 b

Efeitos de diferentes concentrações de AgNO_3 e CoCl_2 no desenvolvimento de embriões somáticos de cana-de-açúcar ao longo de 42 dias. Valores seguidos por letras diferentes diferem pelo teste de médias SNK a 5% de probabilidade. n=6 para número de embriões e n=5 para conteúdo de matéria fresca e seca. Coeficiente de variação (CV) para o número de embriões = 54,45%. CV_{matéria fresca} = 9,42% e CV_{matéria seca} = 17,56%.

Devido às diferenças estatísticas encontradas nos tratamentos contendo AgNO_3 0,5 e 5 μM em comparação ao tratamento controle, esses dois tratamentos e o controle foram selecionados para análises adicionais de proteômica, quantificação de hormônios e poliaminas endógenas livres.

5.2. Análise proteômica de calos embriogênicos de cana-de-açúcar sob diferentes concentrações de nitrato de prata

Para avançar na compreensão dos mecanismos moleculares envolvidos nos efeitos do pré-tratamento de maturação com AgNO_3 , foi realizada uma abordagem proteômica *bottom-up*. Um total de 2.258 proteínas foram identificadas. Após a análise proteômica comparativa, 448 proteínas foram identificadas como diferencialmente reguladas em pelo menos uma comparação entre as diferentes concentrações de AgNO_3 ao final do pré-tratamento de maturação (Apêndice).

A análise de agrupamento revelou seis *clusters* que permitiram uma melhor separação dos padrões de acumulação proteica ao final do pré-tratamento de maturação (Figura 4). O Cluster 1 incluiu 98 proteínas que apresentaram

acumulação semelhante nos tratamentos com AgNO_3 , independentemente da concentração (0,5 e 5 μM). O *Cluster 2* identificou 45 proteínas com redução na acumulação, especificamente no tratamento com 0,5 μM de AgNO_3 . O *Cluster 3* agrupou 64 proteínas que se acumularam especificamente no tratamento com 0,5 μM de AgNO_3 . O *Cluster 4* destacou 90 proteínas cuja abundância foi reduzida no tratamento com 5 μM de AgNO_3 . Por outro lado, o *Cluster 5* reuniu 62 proteínas que apresentaram aumento na acumulação no tratamento com 5 μM de AgNO_3 . Finalmente, o *Cluster 6* incluiu 89 proteínas que apresentaram maior abundância no tratamento controle.

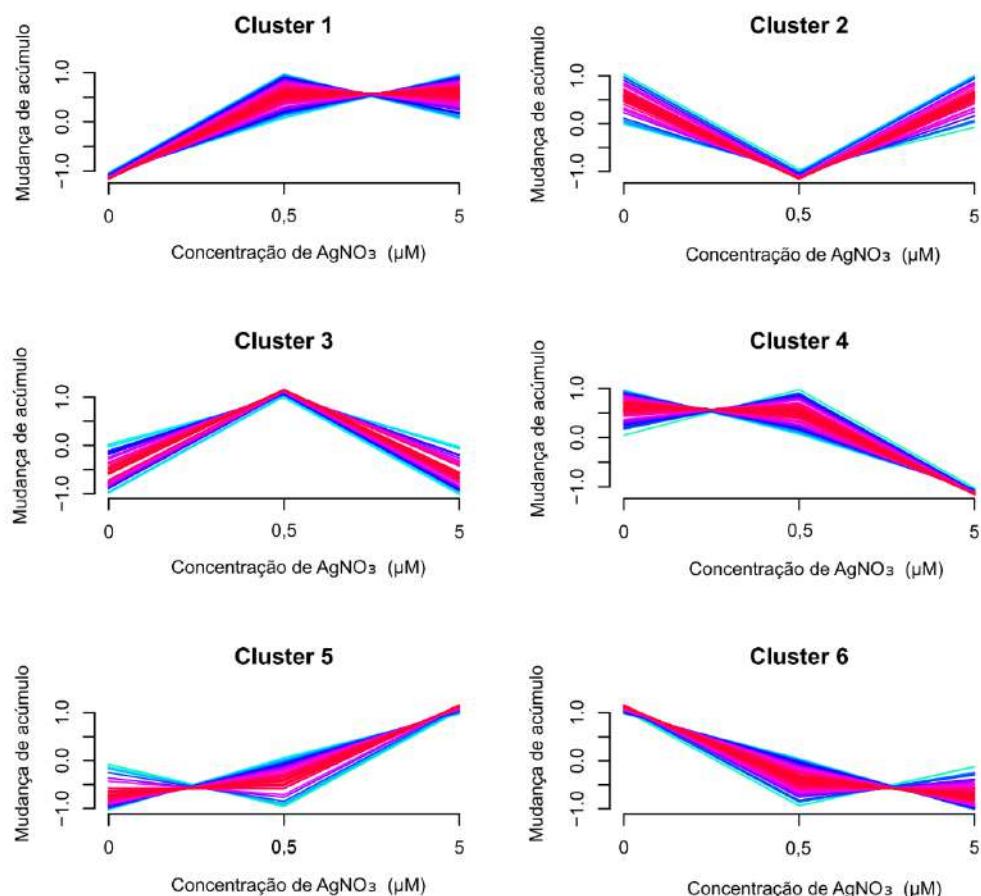


Figura 4. Resultados da análise comparativa dos dados proteômicos ao final do pré-tratamento de maturação. A análise de agrupamento revelou que seis grupos permitiram uma melhor separação dos padrões de acúmulo de proteínas: proteínas com acúmulo semelhante nos tratamentos com AgNO_3 , independentemente da concentração (0,5 e 5 μM) (*Cluster 1*); proteínas com acúmulo reduzido especificamente no tratamento com AgNO_3 0,5 μM (*Cluster 2*); proteínas que acumularam especificamente no tratamento com AgNO_3 0,5 μM (*Cluster 3*); proteínas cuja abundância foi significativamente reduzida no tratamento com AgNO_3 5 μM (*Cluster 4*); proteínas que apresentaram maior acúmulo no tratamento com AgNO_3 5 μM (*Cluster 5*); e proteínas com maior abundância no tratamento controle (*Cluster 6*).

Tabela 2. Proteínas diferencialmente acumuladas associadas à modulação da sinalização do etileno no calo embriogênico de cana-de-açúcar e seus respectivos ortólogos em *Arabidopsis thaliana*. A análise estatística e funcional dos dados proteômicos comparativos identificou proteínas potencialmente envolvidas na diferenciação do calo embriogênico em embriões somáticos, moduladas em resposta à sinalização do etileno

ID da proteína	BLAST Top Hit	Ortólogos de <i>Arabidopsis</i>	Cluster
Sspon.06G0034800-1D	DNA replication licensing factor MCM2	MCM2	2
Sspon.04G0008080-1A	Adenosine kinase 2	ADK2-2	3
Sspon.03G0008370-4D	Phosphoethanolamine N-methyltransferase 1	NMT1	3
Sspon.04G0011260-2B	Acetyl-coenzyme A synthetase	ACS	1
Sspon.07G0038270-1D	Chloroplastic/glyoxysomal Proliferating Cell Nuclear Antigen	PCNA2	3
Sspon.02G0004290-2	Scarecrow-like protein 32	SCL32	3
Sspon.06G0006520-3C	Cell division control protein 48 homolog	CDC48D	4
Sspon.01G0052050-1C	Trifuncional UDP-glicose 4,6-desidratase/UDP-4-ceto-6-desoxi-D-glicose 3,5-epimerase/UDP-4-ceto-L-ramnose-reductase RHM2	RHM1	3
Sspon.02G0031860-3C	Methionine Synthase	MS1	4
Sspon.03G0015850-1A	S-Adenosylmethionine Synthase 3	SAM2	2
Sspon.03G0042170-2D	1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase 1	ACO1-2	1
Sspon.04G0016140-1A	peroxiredoxina-2E-2, chloroplastic-like	PRXIIIE	5
Sspon.01G0052180-1C	Chain A, L-ascorbate peroxidase	APX1	5
Sspon.05G0020230-1A	probable indole-3-acetic acid-amido synthetase GH3.8	GH3.1	5
Sspon.01G0041400-1B	BR-signaling kinase 2	BSK2	5
Sspon.04G0017510-4D	Cullin-associated NEDD8-dissociated protein 1	CAND1	4
Sspon.03G0034420-1B	ATP-citrate synthase beta chain protein 1	ACLB-2	1

5.3. Análise funcional de dados proteômicos

A análise de enriquecimento de ontologia gênica revelou que, ao final do pré-tratamento de maturação, o tratamento que aumentou o número de embriões somáticos e o incremento de matéria seca (AgNO_3 0,5 μM) apresentou

enriquecimento no processo biológico de catabolismo celular. No contexto das vias do KEGG, o metabolismo de alanina, aspartato e glutamato, o metabolismo do carbono e a biossíntese de aminoácidos se destacaram como as únicas vias enriquecidas (Figura 5). Por outro lado, no tratamento que reduziu o número de embriões somáticos (AgNO_3 5 μM), as proteínas acumuladas foram enriquecidas apenas em duas vias do KEGG: metabolismo do carbono e biossíntese de aminoácidos. Além disso, as proteínas com acumulação reduzida neste tratamento foram enriquecidas no processo metabólico de aminoácidos modificados, nas vias do KEGG do metabolismo do carbono, biossíntese de aminoácidos e fixação de carbono pelo ciclo de Calvin, bem como nas funções moleculares de ligação ao NAD e atividade de liase (Figura 5). As proteínas acumuladas nos tratamentos com AgNO_3 , independentemente da concentração, enriqueceram o processo biológico de catabolismo celular e, em termos de vias do KEGG, as mais enriquecidas foram metabolismo do carbono, biossíntese de aminoácidos, metabolismo de glicoxilato e dicarboxilato, e o proteossomo. As funções moleculares mais enriquecidas foram a atividade de liase e a ligação ao NAD (Figura 5).

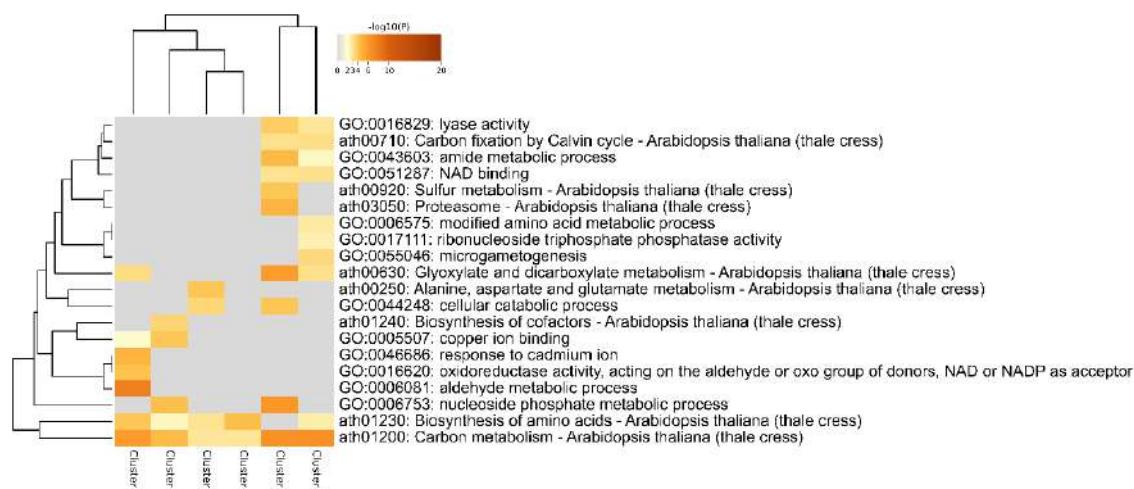


Figura 5. Análise de enriquecimento de ontologia gênica (processos biológicos e funções moleculares) e vias do KEGG, destacando os grupos de proteínas diferencialmente acumuladas em resposta às diferentes concentrações de AgNO_3 ao final do pré-tratamento de maturação. O tratamento que promoveu o maior número de embriões somáticos (0,5 μM AgNO_3) mostrou enriquecimento no processo catabólico celular biológico e nas vias do KEGG Metabolismo do carbono, Metabolismo de alanina, aspartato e glutamato e Biossíntese de aminoácidos. Em contraste, o tratamento que impactou negativamente a formação de embriões somáticos (5 μM AgNO_3) mostrou enriquecimento limitado às vias do KEGG Metabolismo do carbono e Biossíntese de aminoácidos. As proteínas acumuladas nos tratamentos com AgNO_3 , independentemente da concentração, enriqueceram o processo catabólico celular. Nas vias do KEGG, destacaram-se metabolismo do carbono, biossíntese de aminoácidos, metabolismo de glicoxilato e dicarboxilato, e o proteossomo. As funções moleculares mais enriquecidas foram atividade de liase e ligação ao NAD.

5.4. Rede de interação proteína-proteína

Os dados da análise funcional e da acumulação diferencial de proteínas foram utilizados nos seguintes cenários: proteínas que acumularam ou tiveram sua abundância reduzida no tratamento com 0,5 µM de AgNO₃, associadas a um aumento no número de embriões; proteínas que acumularam ou tiveram sua abundância reduzida no tratamento com 5 µM de AgNO₃, que resultaram na redução do número de embriões somáticos; e proteínas que acumularam em ambos os tratamentos ao final do pré-tratamento de maturação. As sequências FASTA das proteínas foram analisadas no STRING para prever interações proteína-proteína. A análise revelou uma rede funcional composta por proteínas envolvidas em várias vias metabólicas, incluindo metabolismo do carbono, metabolismo do piruvato, replicação do DNA, metabolismo de cisteína e metionina, e metabolismo de açúcares amino e nucleotídeos de açúcares (Figura 6).

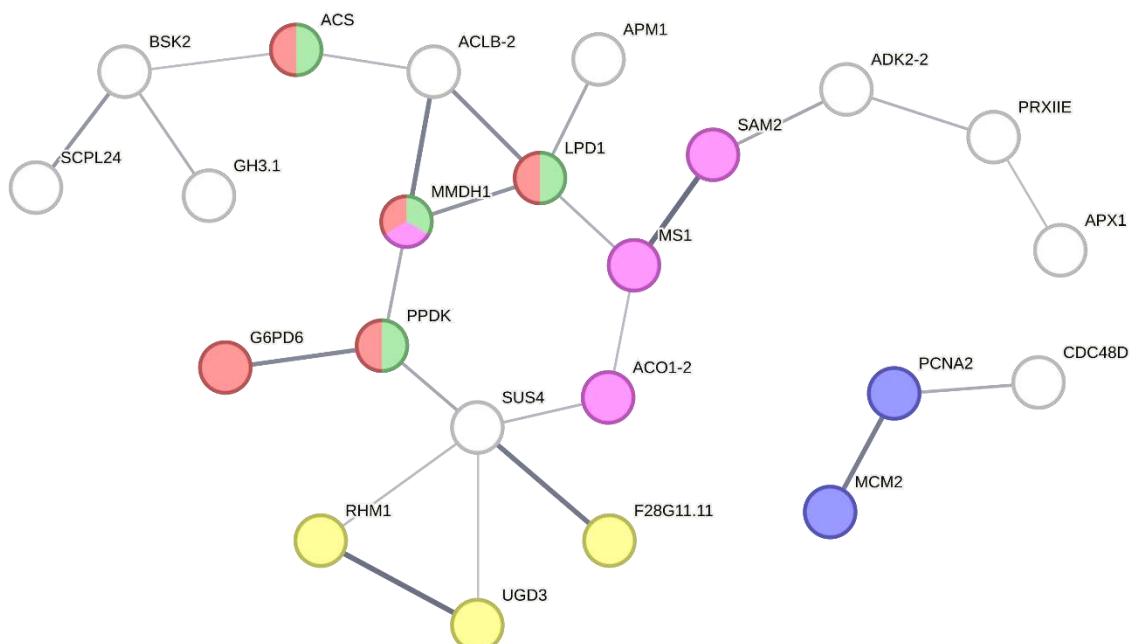


Figura 6: A rede de interações proteína-proteína foi construída com proteínas diferencialmente acumuladas (DAPs) reguladas por diferentes concentrações de AgNO₃ (0,5 e 5 µM) ao final do pré-tratamento de maturação. Utilizando o STRING v.12.0, a análise foi realizada com proteínas de *Saccharum officinarum* baseadas nos ortólogos de *Arabidopsis thaliana*. As proteínas foram agrupadas por vias do KEGG, com a seguinte codificação de cores: vermelho (metabolismo de carbono), rosa (metabolismo de cisteína e metionina), verde (metabolismo do piruvato), roxo (replicação do DNA) e amarelo (metabolismo de açúcares amino e nucleotídeos de açúcares). A rede foi gerada com confiança média, definida por um valor de interação > 0,4.

5.5. Alterações no perfil hormonal de calos embriogênicos de cana-de-açúcar sob diferentes concentrações de nitrato de prata

A análise dos hormônios livres revelou que os tratamentos com 0,5 e 5 μM de AgNO_3 modularam os níveis de ABA e IAA de forma distinta em relação ao controle ao final do pré-tratamento de maturação (Figura 7). Não foram observadas diferenças significativas nos níveis de ACC entre os tratamentos com AgNO_3 a 0,5 e 5 μM e o tratamento controle (Figura 7a). Quanto ao ABA, o tratamento com 0,5 μM de AgNO_3 resultou em um aumento significativo nos níveis desse hormônio quando comparado aos outros tratamentos (controle e 5 μM de AgNO_3). Por outro lado, o tratamento com 5 μM de AgNO_3 levou a uma redução significativa nos níveis de ABA em relação aos outros tratamentos (Figura 7b). Em relação ao IAA, o tratamento com 0,5 μM de AgNO_3 mostrou um aumento significativo nos níveis desse hormônio em comparação ao controle. No entanto, o tratamento com 5 μM de AgNO_3 não apresentou diferenças estatísticas em comparação com o controle ou com o tratamento com 0,5 μM de AgNO_3 (Figura 7c).

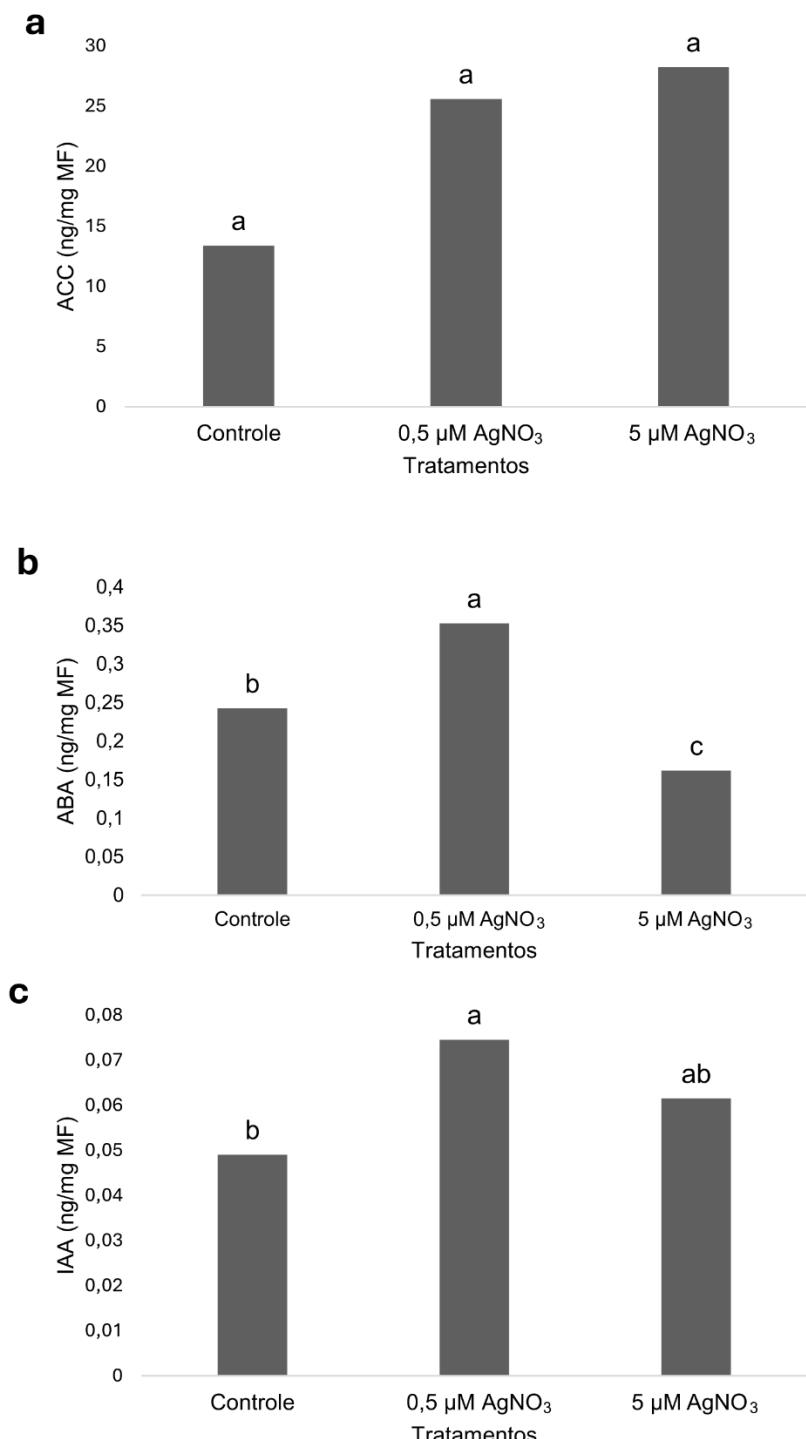


Figura 7. Níveis dos hormônios livres e do precursor (ACC) nos tratamentos controle, AgNO₃ 0,5 μ M e AgNO₃ 5 μ M ao final do pré-tratamento de maturação. Níveis de ACC (a), ABA (b) e IAA (c). Médias seguidas por letras diferentes são significativamente diferentes de acordo com o teste SNK (Student-Newman-Keuls) ($P<0,05$). MF = Massa Fresca. CV_{ACC} = 29,16%; CV_{ABA} = 15,08%; e CV_{IAA} = 11,59%.

5.6. Determinação de poliaminas endógenas livres em calos embriogênicos de cana-de-açúcar sob diferentes concentrações de nitrato de prata

O conteúdo total de poliaminas livres endógenas não variou significativamente em resposta ao tratamento com AgNO_3 nas concentrações de 0,5 e 5 μM ao final do pré-tratamento de maturação (Figura 8a). Da mesma forma, não foram identificadas diferenças estatísticas nos níveis de Putrescina (Figura 8b), Espermidina (Figura 8c) e Espermina (Figura 8d) entre os tratamentos avaliados.

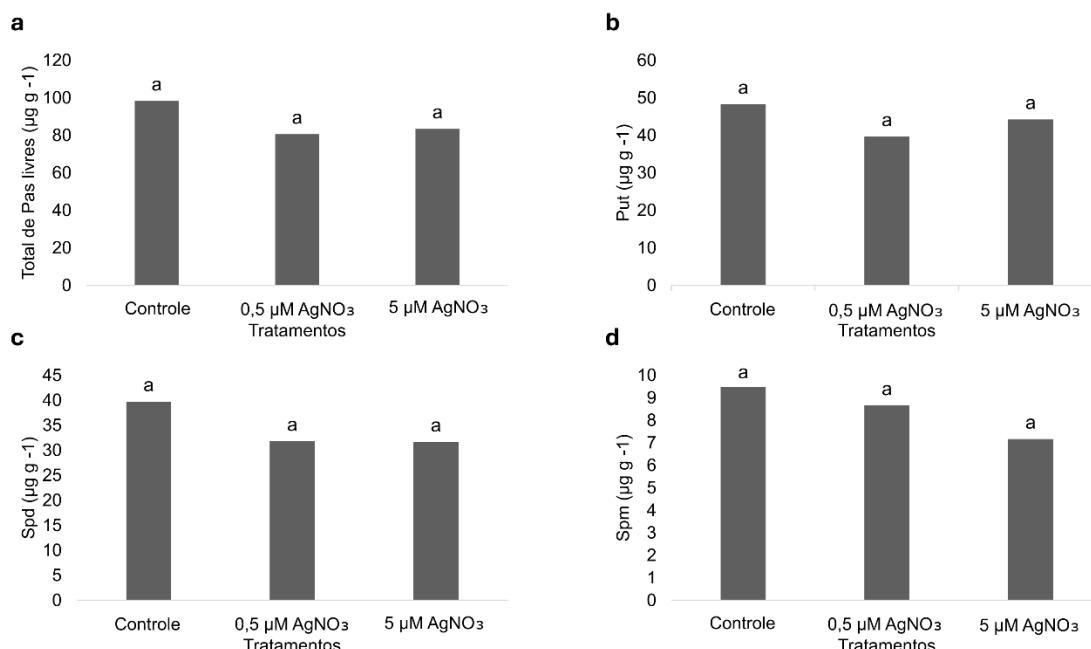


Figura 8. Determinação dos níveis de poliaminas livres endógenas ($\mu\text{g g}^{-1}$ de matéria fresca) nos tratamentos controle, 0,5 $\mu\text{M AgNO}_3$ e 5 $\mu\text{M AgNO}_3$ ao final do pré-tratamento de maturação. Nível total de poliaminas livres (a), putrescina (Put) (b), espermidina (Spd) (c), espermina (Spm) (d). Médias seguidas por letras diferentes são significativamente diferentes de acordo com o teste SNK (Student-Newman-Keuls) ($P<0,05$). $\text{CV}_{\text{Total}} = 20,12\%$; $\text{CV}_{\text{Put}} = 19,93\%$; $\text{CV}_{\text{Spd}} = 22,28\%$; e $\text{CV}_{\text{Spm}} = 28,62\%$.

6. DISCUSSÃO

6.1. O pré-tratamento de maturação com AgNO₃ na concentração de 0,5 µM otimiza a embriogênese somática em cana-de-açúcar por meio do aumento dos níveis de ABA e alterações no perfil proteômico

Os íons de prata são amplamente reconhecidos na literatura como potentes inibidores da ação do etileno, competindo com os íons de cobre pelos sítios ativos dos receptores presentes nas membranas. Essa substituição do cofator de cobre bloqueia os receptores em uma conformação que reprime permanentemente as respostas ao etileno (Kumar et al., 2009). No presente estudo, a adição de 0,5 µM de AgNO₃ como pré-tratamento de maturação resultou em um aumento significativo no número de embriões somáticos e promoveu um maior acúmulo de matéria seca nos calos embriogênicos (Tabela 1). Esses resultados estão em conformidade com os relatos de várias espécies de plantas, como *Andrographis paniculata* (Martin, 2004), *Coffea canephora* (Fuentes et al., 2000), *Daucus carota* (Roustan et al., 1990) e *Phoenix dactylifera* (Khayri & Bahrany, 2001; Khayri, 2004).

Nessas espécies, o uso de nitrato de prata demonstrou aumentar significativamente a formação de embriões somáticos e, em alguns casos, a massa do calo, resultados que corroboram os observados neste estudo. No entanto, os mecanismos moleculares subjacentes à eficiência do nitrato de prata na diferenciação de embriões somáticos permanecem pouco explorados.

Altos níveis de ABA durante as fases intermediárias da embriogênese somática favorecem o acúmulo de reservas de armazenamento, como carboidratos, proteínas e lipídios, conforme relatado por Finkelstein e Gibson, (2002). No presente estudo, o maior acúmulo de ABA observado no final do pré-tratamento de maturação contribuiu significativamente para o aumento da matéria seca no tratamento com 0,5 µM de AgNO₃ (Figura 7b). O efeito promotor do nitrato de prata sobre os níveis endógenos de ABA já foi demonstrado anteriormente durante a maturação de embriões somáticos de *Picea glauca* (Kong e Yeung, 1995).

O papel positivo do ABA na embriogênese somática de cana-de-açúcar foi evidenciado pela inclusão de um pré-tratamento de maturação sem reguladores de crescimento. Essa estratégia aumentou os níveis de ABA, favoreceu a formação de um maior número de embriões somáticos, promoveu um aumento significativo na massa fresca e reduziu os níveis de ACC, sugerindo uma possível diminuição na síntese de etileno (Reis et al., 2021).

Altos níveis de ABA foram acompanhados por um aumento significativo de IAA no tratamento com 0,5 µM de AgNO₃, em comparação com o tratamento controle, no final do pré-tratamento de maturação (Figura 7c). O IAA desempenha um papel essencial na diferenciação celular e no estabelecimento da polaridade em embriões somáticos, regulando os padrões de divisão celular e a organização dos tecidos (Nic-Can e Loyola-Vargas, 2016). O transporte polar de auxina é crucial para a formação de gradientes hormonais que guiam o desenvolvimento embrionário, incluindo a formação de meristemas apicais e outras estruturas fundamentais (Winnicki, 2020). Em *Arabidopsis*, nas primeiras fases da formação de embriões somáticos, o ABA desempenha um papel fundamental na mediação da biossíntese e transporte de auxina, de modo que o uso de fluridona, um inibidor da biossíntese de ABA, impactou negativamente tanto os níveis de IAA quanto sua distribuição, comprometendo o desenvolvimento embrionário (Su et al., 2013).

No tratamento com 0,5 µM de AgNO₃, foi observada a acumulação da proteína Phosphoethanolamine N-methyltransferase 1 (NMT1; Sspn.03G0008370-4D), característica do grupo 3 (Figura 4). A enzima NMT1 catalisa três reações de metilação na via de biossíntese da fosfatidilcolina, um fosfolipídio de membrana que desempenha um papel crucial como substrato para várias enzimas modificadoras de ácidos graxos (Chen et al., 2018). Além disso, a

fosfatidilcolina está envolvida na biossíntese de lipídios de reserva e age como uma molécula sinalizadora lipídica (Bates e Browse, 2011).

Em *Arabidopsis*, a perda funcional do NMT1 impacta drasticamente a manutenção do meristema apical radicular (RAM) e o transporte polar de auxina, destacando a importância dessa enzima na manutenção e integridade das membranas celulares, bem como no funcionamento correto das proteínas PIN, responsáveis pela distribuição de auxina (Zou et al., 2019). Dada a importância do NMT1 na integridade celular e no transporte de auxina, é possível que o aumento dessa enzima no tratamento com 0,5 µM de AgNO₃ tenha contribuído para o melhor desenvolvimento dos embriões somáticos, promovendo uma distribuição mais eficiente de IAA. Essa distribuição otimizada pode ter favorecido os processos de diferenciação celular e a organização dos tecidos, aspectos fundamentais para o desenvolvimento embrionário.

Nos sistemas vegetais, os fatores de transcrição GRAS desempenham papéis fundamentais em diversos processos biológicos, incluindo o desenvolvimento da planta, transdução de sinal do fitochrome A, padronização radial das raízes e brotos, manutenção dos meristemas e transdução de sinal de giberelina (Bolle, 2004; Guo et al., 2017; Waseem et al., 2022). No tratamento com 0,5 µM AgNO₃, a proteína Scarecrow-like protein 32 (SCL32; Sspon.02G0004290-2), pertencente à família GRAS, foi identificada com o padrão de acúmulo característico do *cluster 3* (Figura 4).

Membros da família GRAS de proteínas desempenham papéis essenciais na embriogênese somática em várias espécies. Em *Lilium pumilum*, estudos mostraram que o silenciamento do *lpu-miR171* e a superexpressão de *LpSCL6-II* e *LpSCL6-I* promoveram o acúmulo de amido e aumentaram a expressão de genes relacionados ao ciclo celular, criando condições favoráveis para o desenvolvimento de embriões somáticos (Yan et al., 2022). De maneira semelhante, durante a embriogênese somática de *Picea glauca*, calos cultivados em meio de cultura contendo polietilenoglicol (PEG) mostraram maior formação de embriões somáticos, acompanhados de um aumento na expressão do gene SCARECROW, membro da família GRAS, indicando sua contribuição para a diferenciação embrionária (Stasolla et al., 2003).

Embora o papel específico da proteína SCL32 ainda não tenha sido relatado na embriogênese somática, as funções de outros membros da família GRAS em

processos relacionados à embriogênese somática sugerem, na presente pesquisa, que a proteína SCL32 pode estar envolvida na promoção de uma diferenciação mais eficiente dos embriões somáticos de cana-de-açúcar em resposta ao tratamento com 0,5 µM de AgNO₃. Esta hipótese reforça a importância de investigar mais a fundo o papel da SCL32 na regulação da embriogênese somática em sistemas vegetais.

A proteína Proliferating Cell Nuclear Antigen (PCNA2; Sspn.07G0038270-1D) desempenha um papel fundamental em processos celulares essenciais, como replicação do DNA, remodelação da cromatina, reparo do DNA, controle do ciclo celular e coesão das cromátides irmãs, por meio de interações com proteínas envolvidas em várias vias metabólicas (Strzalka e Ziemienowicz, 2011). A PCNA2, presente no tratamento com 0,5 µM de AgNO₃ e exibindo o padrão de acúmulo característico do *cluster* 3 (Figura 4), mostrou uma interação predita com a proteína cell division control protein 48 homolog (CDC48D; Sspn.06G0006520-3C) (Figura 6), observada exclusivamente nos tratamentos em que a formação de embriões não foi prejudicada, ou seja, no controle e no tratamento com 0,5 µM de AgNO₃ (*cluster* 4). Além disso, a PCNA2 também mostrou uma interação predita com a proteína DNA replication licensing factor MCM2 (MCM2; Sspn.06G0034800-1D), que apresentou uma redução no acúmulo no tratamento com 0,5 µM de AgNO₃, característica do *cluster* 2 (Figura 4).

A PCNA2 foi primeiramente identificada na embriogênese somática de *Vitis vinifera* (Marsoni et al., 2008) e posteriormente em *Larix principis* (Zhao et al., 2015), com maior acúmulo em calos embriogênicos em comparação aos calos não embriogênicos. A CDC48D, por sua vez, tem funções essenciais no controle da divisão celular, diferenciação e crescimento celular vegetal, sendo crucial para o desenvolvimento e sobrevivência das plantas (Park et al., 2008).

Além disso, em estudos de padronização de embriões de *Arabidopsis*, foi demonstrado que a CDC48A interage diretamente com a chaperona WOX2. Ambas as proteínas co-localizam no núcleo, e a perda de função de CDC48A resulta em defeitos semelhantes aos observados na ausência de WOX2, prejudicando a iniciação das células-tronco protodérmicas e o desenvolvimento do meristema apical (Gong et al., 2024). Considerando o papel fundamental dessas proteínas nos processos de divisão celular, pode-se sugerir que a interação entre elas

desempenha um papel crítico na regulação de processos-chave envolvidos na formação de embriões somáticos.

A MCM2 está envolvida na replicação do DNA, atuando como parte do complexo helicase que desenrola a forquilha de replicação, facilitando a separação das fitas de DNA durante o processo de replicação (Costa e Onesti, 2008). Sua superexpressão em plantas transgênicas de *Arabidopsis* aumenta o número de células-tronco na columela da raiz e ativa genes relacionados à proliferação celular, como AtCYCB1;1. No entanto, esse processo compromete o crescimento das plantas, inibe a endoreduplicação e causa um desequilíbrio entre proliferação e diferenciação, com células-tronco supernumerárias incapazes de se diferenciar adequadamente (Ni et al., 2009). Com base nisso, sugere-se que a PCNA2 regula os níveis de MCM2 no tratamento com 0,5 µM de AgNO₃, promovendo o controle da proliferação celular e permitindo uma diferenciação adequada dos embriões somáticos.

Foi observado um padrão de acúmulo da enzima trifuncional UDP-glucose 4,6-dehydratase/UDP-4-keto-6-deoxy-D-glucose 3,5-epimerase/UDP-4-keto-L-ramnose-reductase RHM2 (RHM1; Sspon.01G0052050-1C) no *cluster 3* (Figura 4). Essa enzima desempenha um papel fundamental na biossíntese de UDP-β-L-ramnose, que é um precursor essencial dos principais componentes da parede celular, como rhamnogalacturonan I (RG-I) e rhamnogalacturonan II (RG-II) (Usadel et al., 2004; Oka et al., 2007).

Durante a embriogênese somática, alterações na estrutura e composição da parede celular desempenham um papel essencial na manutenção da forma celular, organização da arquitetura e direcionamento dos planos de divisão (Smertenko e Bozhkov, 2014). Essas mudanças não apenas regulam processos morfogênicos internos, mas também facilitam a comunicação com células adjacentes, permitindo a transmissão de sinais pelo apoplasto e promovendo a indução e maturação da embriogênese em células vizinhas (Smertenko e Bozhkov, 2014). Nesse contexto, esta pesquisa sugere que a acumulação de RHM1 no tratamento com 0,5 µM de AgNO₃ pode ter desempenhado um papel central na facilitação da reorganização celular necessária para a formação de embriões somáticos de cana-de-açúcar. Além disso, essa acumulação pode ter aprimorado a comunicação intercelular por meio do apoplasto, promovendo a transmissão eficiente de sinais cruciais para a indução e o desenvolvimento dos embriões em células adjacentes.

A methionine synthase (MS1; Sspon.02G0031860-3C) e a S-adenosylmethionine synthase 3 (SAM2; Sspon.03G0015850-1A), ambas enzimas essenciais envolvidas na síntese de metionina e do precursor metabólico S-adenosilmotionina (SAM), foram identificadas interagindo entre si (Figura 6). Essas enzimas desempenham papéis fundamentais na produção de etileno e poliaminas (Ravanel et al., 1998) e, mais recentemente, na regulação dos níveis de metilação do DNA (De-la-Peña et al., 2015). No tratamento com 0,5 µM de AgNO₃ e no controle, a enzima MS1 apresentou maior abundância, correspondendo ao perfil de acumulação característico do *cluster* 4 (Figura 4). Em contraste, a enzima SAM2 mostrou menor abundância no tratamento com 0,5 µM de AgNO₃, em concordância com o perfil de acumulação do *cluster* 2 (Figura 4). Esses resultados sugerem que o pré-tratamento de maturação com 0,5 µM de AgNO₃ pode regular os níveis de S-adenosilmotionina, uma proteína envolvida na metilação do DNA.

Foi observada uma interação prevista entre SAM2 e a Adenosine kinase 2 (ADK2-2; Sspon.04G0008080-1A) (Figura 6), que apresenta um perfil de acumulação no *cluster* 3 (Figura 4). A ADK2-2 desempenha um papel crucial na reciclagem da adenosina, um produto gerado pela hidrólise da S-adenosilhomocisteína (SAH), que é um potente inibidor de metiltransferases (Pereira et al., 2007). Esse processo contribui para a manutenção do equilíbrio no ciclo de metilação, permitindo a regeneração da S-adenosilmotionina (SAM) e garantindo a continuidade das reações de transmetilação essenciais para diversas funções celulares (Moffatt et al., 2002).

Portanto, pode-se postular que a redução dos níveis de SAM é uma estratégia para controlar o equilíbrio nos processos de metilação, evitando excessos que poderiam comprometer a diferenciação celular. Por outro lado, o aumento da ADK2-2 pode ser uma forma de compensar a diminuição de SAM, garantindo que o ciclo de reciclagem da metilação continue funcionando corretamente, o que é essencial para a manutenção de outros processos dependentes de metilação. Esse ajuste no metabolismo da metilação pode ser fundamental para regular a proliferação e diferenciação celular durante a embriogênese somática, assegurando a adequada formação dos embriões somáticos.

6.2. Efeitos do pré-tratamento de maturação com AgNO₃ no perfil proteômico

A via de biossíntese do etileno começa com a conversão da metionina em S-adenosilmotionina (SAM), catalisada pela enzima SAM sintetase. Em seguida, a SAM é convertida em 1-aminociclopropano-1-carboxilato (ACC) pela ação da ACC sintase (ACS), e o ACC é finalmente transformado em etileno pela enzima ACC oxidase (ACO) (Wang et al., 2002). Esse processo desempenha um papel crucial na regulação dos processos fisiológicos e no desenvolvimento das plantas (Ecker, 1995). Neste estudo, não foram observadas diferenças significativas nos níveis de ACC entre os tratamentos com 0,5 e 5 µM de AgNO₃ e o controle (Figura 7a). Considerando que o ACC é o precursor imediato do etileno, esses dados indicam que o nitrato de prata, nas concentrações utilizadas, não interferiu na via biossintética do etileno. No entanto, o efeito promotor do nitrato de prata nos níveis de etileno durante a embriogênese somática já foi relatado em outras espécies vegetais, como *Picea glauca* (Meskaoui et al., 2000), *Daucus carota* (Roustan et al., 1990) e *Glycine max* (Santos et al., 1997). Segundo Kende, (1993), esse efeito indutor do nitrato de prata na biossíntese do etileno resulta de uma resposta de *feedback* negativo, desencadeado pela redução ou supressão na percepção do etileno.

Apesar de não ter sido observado um aumento significativo nos níveis de ACC nos tratamentos com nitrato de prata, os resultados proteômicos indicam que houve uma resposta de *feedback* devido ao aumento no acúmulo da proteína 1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase 1 (ACO1-2; Sspn.03G0042170-2D), cujo padrão de acúmulo corresponde ao *cluster* 1 (Figura 4). Esse aumento sugere que, durante a resposta de *feedback*, os níveis dessa proteína são elevados na tentativa de compensar a inibição da sinalização do etileno pelo nitrato de prata.

O etileno e as poliaminas compartilham a SAM como substrato comum em suas vias de biossíntese (Dias et al., 2010). Essas vias são competitivas, e a produção de poliaminas pode atuar inibindo a síntese ou a ação do etileno (Hu et al., 2006). Apesar dessa relação competitiva, os tratamentos com AgNO₃ nas concentrações utilizadas neste experimento não alteraram significativamente os níveis totais de poliaminas (Figura 8a), putrescina (Figura 8b), espermidina (Figura 8c) e espermina (Figura 8d).

O metabolismo da acetil-CoA desempenha um papel fundamental no balanço energético celular e nas vias biossintéticas, impactando a formação de reservas de energia e componentes estruturais em embriões somáticos (Wurtele e Nikolau, 1992; Pietrocola et al., 2015). A interação entre Acetyl-coenzyme A synthetase chloroplastic/glyoxysomal (ACS; Sspon.04G0011260-2B) e ATP-citrate synthase beta chain protein 1 (ACLB-2; Sspon.03G0034420-1B), com um padrão de acúmulo correspondente ao *cluster 1* (Figura 4), observada nesta rede de interação, reflete o efeito do nitrato de prata na compartimentalização e integração do metabolismo da acetil-CoA durante a embriogênese somática (Figura 6). Ambas as enzimas desempenham papéis cruciais na formação da acetil-CoA, mas em compartimentos distintos: ACS no plastídio e ACLB-2 no citosol (Fatland et al., 2000; Lin e Oliver, 2008).

ACLB-2 converte citrato em acetil-CoA e oxaloacetato no citosol, suprindo vias metabólicas secundárias, como a síntese de flavonoides, ceras e isoprenoides, que são essenciais para a defesa e adaptação das plantas (Fatland et al., 2002). Por outro lado, ACS catalisa a formação de acetil-CoA a partir de acetato no plastídio, fornecendo um substrato direto para a biossíntese de ácidos graxos e lipídios, especialmente durante o desenvolvimento das sementes (Schnurr et al., 2002). Esse efeito pode ter sido particularmente relevante para o desenvolvimento dos embriões somáticos e o acúmulo de reservas no tratamento com 0,5 µM de AgNO₃, uma vez que concentrações mais elevadas, como 5 µM de AgNO₃, podem comprometer esses efeitos devido à sua toxicidade.

6.3. O pré-tratamento de maturação com AgNO₃ na concentração de 5 µM afeta a diferenciação dos embriões somáticos devido aos efeitos fitotóxicos, redução dos níveis de ABA e regulação da sinalização de auxina

O nitrato de prata, em concentrações ótimas, pode estimular significativamente a formação de embriões somáticos. No entanto, quando utilizado em altas concentrações, seus efeitos tornam-se inibitórios. Estudos que demonstram o impacto positivo do nitrato de prata na embriogênese somática frequentemente apontam que, acima de um certo limite de concentração, que pode variar dependendo da espécie, ocorre uma redução na formação de embriões

somáticos (Sakhanokho et al., 2009). Na embriogênese somática de *Coffea canephora*, por exemplo, concentrações de 150 e 300 µM impactaram negativamente a formação de embriões (Roustan et al., 1990). Em *Daucus carota*, o uso de 50 µM de nitrato de prata afetou significativamente o crescimento celular e a sobrevivência, resultando em 52% de células mortas após 8 dias em cultura (Roustan et al., 1990).

Os resultados sugerem que a embriogênese somática em cana-de-açúcar é mais sensível ao efeito tóxico do nitrato de prata quando comparada a outras espécies, pois a concentração de 5 µM de AgNO₃ impactou drasticamente a formação de embriões somáticos (Tabela 1). Além disso, os calos tratados apresentaram níveis visivelmente altos de oxidação, reforçando o efeito prejudicial dessa concentração no desenvolvimento embrionário (Figura 3:P). Além disso, interações previstas foram observadas entre proteínas envolvidas no controle do estresse oxidativo, como peroxiredoxin-2E-2, chloroplastic-like (PRXIIe; Sspon.04G0016140-1A) e Chain A, L-ascorbate peroxidase (APX1; Sspon.01G0052180-1C) (Figura 6), que mostraram o perfil característico de acúmulo do cluster 5 (Figura 4). Essas interações sugerem que ambas as proteínas desempenham um papel fundamental na regulação das espécies reativas de oxigênio, incluindo o peróxido de hidrogênio, geradas em resposta à fitotoxicidade induzida pelas concentrações mais altas de nitrato de prata.

Além dos efeitos fitotóxicos, a interrupção da sinalização de etileno causada pelo nitrato de prata na concentração de 5 µM impactou os níveis endógenos de ABA (Figura 7b). Hansen e Grossmann, (2000) mostraram que, em *Galium aparine*, o tratamento com auxina exógena estimula a produção de etileno, o que, por sua vez, promove a biossíntese de ABA. Além disso, a inibição da produção de etileno usando AVG e íons de cobalto resultou em uma redução nos níveis de ABA. Para validar essa relação causal, foi utilizado o mutante de tomate *never ripe*, que é deficiente na percepção de etileno. Nesse mutante, a produção de xantoxal, um precursor do ABA, foi completamente inibida, e os níveis de ABA foram significativamente reduzidos em comparação com as plantas do tipo selvagem (Hansen e Grossmann, 2000).

Esses achados sugerem um sinergismo entre os hormônios mencionados, indicando que o etileno pode modular os níveis de ABA. No presente estudo, uma inibição parcial da sinalização de etileno levou a um aumento nos níveis de ABA,

enquanto concentrações mais altas de AgNO₃, como no tratamento com 5 µM, afetaram negativamente a acumulação de ABA, demonstrando um papel ainda mais complexo nessa interação.

Em relação aos níveis de IAA, embora nenhuma diferença estatística tenha sido observada em comparação ao controle ou ao tratamento com 0,5 µM de AgNO₃ no final do pré-tratamento de maturação (Figura 7c), esses achados proteômicos sugerem um mecanismo de regulação desse fitohormônio associado à acumulação da probable indole-3-acetic acid-amido synthetase GH3.8 (GH3.1; Sspon.05G0020230-1A), detectada no cluster 5 (Figura 4). Essas proteínas desempenham um papel essencial na homeostase da auxina, catalisando a conjugação de aminoácidos ao ácido indol-3-acético (IAA), a principal forma de auxina livre (Park et al., 2007). Esse processo reduz os níveis de auxina biologicamente ativa, modulando suas respostas fisiológicas (Chiu et al., 2018).

Além disso, esse mecanismo parece estar ligado à via de sinalização dos brassinosteroides, uma vez que GH3.1 interagiu diretamente com BR-signaling kinase 2 (BSK2; Sspon.01G0041400-1B) (Figura 6), também identificada no cluster 5 (Figura 4). A BSK2 é uma quinase central na via de sinalização dos brassinosteroides (Tang et al., 2008), o que sugere uma interação funcional entre as vias de sinalização da auxina e dos brassinosteroides.

A proteína Cullin-associated NEDD8-dissociated protein 1 (CAND1; Sspon.04G0017510-4D) apresentou um padrão de acumulação característico do cluster 4 (Figura 4), com redução no tratamento com 5 µM de AgNO₃. As proteínas CAND1 regulam o ciclo funcional do complexo SCF (Skp1-Cullin-F-box), que é essencial para a degradação das proteínas repressoras AUX/IAA na sinalização da auxina. Elas sequestram a Cullin em sua forma inativa, impedindo a ligação prematura de SKP1 e da proteína F-box, como TIR1 (Zheng et al., 2002). Esse controle garante a reciclagem do complexo SCF, permitindo que a neddilação ative o complexo para degradar AUX/IAA e que a desneddilação facilite sua desmontagem e remodelação (Cheng et al., 2004).

Além disso, mutantes de *Arabidopsis* com perda de função no gene que codifica a proteína CAND1 apresentaram resistência à auxina exógena, folhas deformadas e fertilidade reduzida, confirmando sua importância na sinalização da auxina e no desenvolvimento vegetal (Cheng et al., 2004). Com base nesses achados, pode-se sugerir que a redução nos níveis de CAND1 comprometeu o

sequestro da Cullin em sua forma inativa, prejudicando o processo de reciclagem do complexo SCF. Isso possivelmente afetou a troca de proteínas F-box, resultando em um SCF não funcional, impactando a sinalização da auxina e, consequentemente, contribuindo para a redução no número de embriões somáticos.

Foi observado que, em raízes de *Arabidopsis thaliana*, o nitrato de prata reduz a resposta ao ácido indol-3-acético (IAA) e compromete a sinalização da auxina ao inibir a degradação da proteína IAA28, um passo crucial na via de transdução do sinal auxínico. Notavelmente, mesmo em plantas do mutante ein2, completamente insensível ao etileno, o nitrato de prata foi capaz de reduzir a resposta ao IAA, indicando que seus efeitos sobre a sinalização de auxina são independentes da via de sinalização do etileno (Strader et al., 2009). Diante disso, é plausível que os efeitos negativos observados no pré-tratamento de maturação com AgNO_3 na concentração de 5 μM , refletidos na redução do número de embriões somáticos, estejam associados diretamente à interferência do próprio AgNO_3 na sinalização de auxina, e não apenas ao bloqueio da percepção de etileno.

7.CONCLUSÃO

Este estudo investigou os efeitos do pré-tratamento de maturação com cloreto de cobalto (CoCl_2) e nitrato de prata (AgNO_3), durante a embriogênese somática em cana-de-açúcar. Embora o cloreto de cobalto não tenha apresentado diferenças significativas nas concentrações testadas, possivelmente devido à sua menor eficiência na inibição da biossíntese de etileno, o nitrato de prata destacou-se como um regulador eficaz, promovendo a diferenciação de embriões somáticos, especialmente na concentração de 0,5 μM . Esse tratamento resultou em um aumento significativo no número de embriões somáticos e no teor de matéria seca, acompanhado por um aumento correlacionado nos níveis de ABA e IAA ao final da fase do pré-tratamento de maturação. Além disso, foi observada uma modulação no perfil proteômico, com destaque para proteínas envolvidas no controle da replicação do DNA, como PCNA2 (Sspn.07G0038270-1D) e MCM2 (Sspn.06G0034800-1D), e no metabolismo da cisteína e metionina, como MS1 (Sspn.02G0031860-3C) e SAM2 (Sspn.03G0015850-1A), sugerindo a importância desses processos na melhoria da embriogênese somática. Entretanto, a alta concentração de 5 μM de AgNO_3 prejudicou a formação de embriões somáticos, provavelmente devido ao efeito fitotóxico, resultando no aumento do estresse oxidativo e na modulação de proteínas associadas à resposta ao estresse. Esse tratamento também afetou negativamente os níveis endógenos de ABA e alterou proteínas relacionadas à conjugação e à sinalização da auxina. Além disso, as concentrações testadas de nitrato de prata não afetaram os níveis de ACC. Em

conclusão, os resultados destacam o papel do nitrato de prata, na promoção da embriogênese somática em cana-de-açúcar, oferecendo novas perspectivas para a otimização dos processos de indução e desenvolvimento de embriões somáticos. No entanto, é essencial otimizar as concentrações de AgNO₃ para mitigar efeitos fitotóxicos. Pesquisas futuras devem se concentrar no esclarecimento dos mecanismos moleculares subjacentes, a fim de determinar se os efeitos positivos e negativos do nitrato de prata ocorrem de forma independente da sinalização do etileno, especialmente no que se refere à regulação da interação entre fitohormônios.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Al-Khayri, J. (2004) Genotype-dependent in vitro response of date palm (*Phoenix dactylifera* L.) cultivars to silver nitrate. *Sci Hortic* 99: 153–162.
- Al-Khayri, J.M., Al-Bahrany, A.M. (2001) Silver nitrate and 2-isopentyladenine promote somatic embryogenesis in date palm (*Phoenix dactylifera* L.). *Sci Hortic* 89: 291–298.
- Almeida, F.A., Passamani, L.Z., Santa-Catarina, C., Mooney, B.P., Thelen, J.J., Silveira, V. (2020) Label-Free Quantitative Phosphoproteomics Reveals Signaling Dynamics Involved in Embryogenic Competence Acquisition in Sugarcane. *J Proteome Res* 19: 4145–4157.
- Amrhein, N., Wenker, D. (1979) Novel inhibitors of ethylene production in higher plants. *Plant Cell Physiol* 20: 1635–1642.
- Aragão, V.P.M., Reis, R.S., Silveira, V., Santa-Catarina, C. (2017) Putrescine promotes changes in the endogenous polyamine levels and proteomic profiles to regulate organogenesis in *Cedrela fissilis* Vellozo (Meliaceae). *Plant Cell, Tissue and Organ Culture (PCTOC)* 130: 495–505.
- Arruda, P. (2012) Genetically modified sugarcane for bioenergy generation. *Curr Opin Biotechnol* 23: 315–322.
- Arshad, M., Frankenberger, W.T. (2002) Ethylene in Plant Physiology. In: *Ethylene*. Boston, MA: Springer US, p. 11–50 11–50.

- Arvinth, S., Arun, S., Selvakesavan, R.K., Srikanth, J., Mukunthan, N., Ananda Kumar, P., Premachandran, M.N., Subramonian, N. (2010) Genetic transformation and pyramiding of aprotinin-expressing sugarcane with cry1Ab for shoot borer (*Chilo infuscatellus*) resistance. *Plant Cell Rep* 29: 383–395.
- Asghar, S., Ghori, N., Hyat, F., Li, Y., Chen, C. (2023) Use of auxin and cytokinin for somatic embryogenesis in plant: a story from competence towards completion. *Plant Growth Regul* 99: 413–428.
- Bai, B., Su, Y.H., Yuan, J., Zhang, X.S. (2013) Induction of Somatic Embryos in *Arabidopsis* Requires Local YUCCA Expression Mediated by the Down-Regulation of Ethylene Biosynthesis. *Mol Plant* 6: 1247–1260.
- Bates, P.D., Browse, J. (2011) The pathway of triacylglycerol synthesis through phosphatidylcholine in *Arabidopsis* produces a bottleneck for the accumulation of unusual fatty acids in transgenic seeds. *The Plant Journal* 68: 387–399.
- Bello-Bello, J.J., Mendoza-Mexicano, M., Pérez-Sato, J.A. (2018) In Vitro Propagation of Sugarcane for Certified Seed Production. In: *Sugarcane - Technology and Research*. InTech.
- Binder, B.M. (2020) Ethylene signaling in plants. *Journal of Biological Chemistry* 295: 7710–7725.
- Binder, B.M., Rodriguez, F.I., Bleecker, A.B., Patterson, S.E. (2007) The effects of Group 11 transition metals, including gold, on ethylene binding to the ETR1 receptor and growth of *Arabidopsis thaliana*. *FEBS Lett* 581: 5105–5109.
- Bleecker, A.B., Estelle, M.A., Somerville, C., Kende, H. (1988) Insensitivity to Ethylene Conferred by a Dominant Mutation in *Arabidopsis thaliana*. *Science* (1979) 241: 1086–1089.
- Bleecker, A.B., Kende, H. (2000) Ethylene: A Gaseous Signal Molecule in Plants. *Annu Rev Cell Dev Biol* 16: 1–18.
- Bolle, C. (2004) The role of GRAS proteins in plant signal transduction and development. *Planta* 218: 683–692.

- Bradford, M.M. (1976) A rapid and sensitive method for the quantitation of microgram quantities of protein utilizing the principle of protein-dye binding. *Anal Biochem* 72: 248–254.
- Burrieza, H.P., Rizzo, A.J., Moura Vale, E., Silveira, V., Maldonado, S. (2019) Shotgun proteomic analysis of quinoa seeds reveals novel lysine-rich seed storage globulins. *Food Chem* 293: 299–306.
- Chang, C., Kwok, S.F., Bleecker, A.B., Meyerowitz, E.M. (1993) *Arabidopsis* Ethylene-Response Gene *ETR1*: Similarity of Product to Two-Component Regulators. *Science* (1979) 262: 539–544.
- Chen, W.H., Gartland, K.M.A., Davey, M.R., Sotak, R., Gartland, J.S., Mulligan, B.J., Power, J.B., Cocking, E.C. (1987) Transformation of sugarcane protoplasts by direct uptake of a selectable chimaeric gene. *Plant Cell Rep* 6: 297–301.
- Chen, Y.-F., Randlett, M.D., Findell, J.L., Schaller, G.E. (2002) Localization of the Ethylene Receptor *ETR1* to the Endoplasmic Reticulum of *Arabidopsis*. *Journal of Biological Chemistry* 277: 19861–19866.
- Cheng, Y., Dai, X., Zhao, Y. (2004) AtCAND1, A HEAT-Repeat Protein That Participates in Auxin Signaling in *Arabidopsis*. *Plant Physiol* 135: 1020–1026.
- Chiou, L.-W., Heckert, M.J., You, Y., Albanese, N., Fenwick, T., Siehl, D.L., Castle, L.A., Tao, Y. (2018) Members of the GH3 Family of Proteins Conjugate 2,4-D and Dicamba with Aspartate and Glutamate. *Plant Cell Physiol*. doi: 10.1093/pcp/pcy160.
- Conab. (2024) Produção de cana-de-açúcar na Safra 2024/25 sofre redução devido a condições climáticas adversas.
- Costa, A., Onesti, S. (2008) The MCM complex: (just) a replicative helicase?. *Biochem Soc Trans* 36: 136–140.
- CTNBio. (2019) Tabela de Plantas Aprovadas para Comercialização. In: http://ctnbio.mctic.gov.br/liberacao-comercial-/document_library_display/SqhWdohU4BvU/view/2256880?_110_INSTANCE_SqhWdohU4BvU_redirect=http%3A%2F%2Fctnbio.mctic.gov.br%2Fliberacao-

- comercial%3Fp_p_id%3D110_INSTANCE_SqhWdohU4BvU%26p_p_lifecycle%3D0%26p_p_.
- Cursi, D.E., Hoffmann, H.P., Barbosa, G.V.S., Bressiani, J.A., Gazaffi, R., Chapola, R.G., Fernandes Junior, A.R., Balsalobre, T.W.A., Diniz, C.A., Santos, J.M., Carneiro, M.S. (2022) History and Current Status of Sugarcane Breeding, Germplasm Development and Molecular Genetics in Brazil. *Sugar Tech* 24: 112–133.
- de Oliveira, W.S., Sakuno, C.I.R., Miraldo, L.L., Tavares, M.A.G.C., Komada, K.M.A., Teresani, D., Santos, J.L.X., Huang, F. (2022) Varied frequencies of resistance alleles to *<scp>Cry1Ab</scp>* and *<scp>Cry1Ac</scp>* among Brazilian populations of the sugarcane borer, *Diatraea saccharalis* (F.). *Pest Manag Sci* 78: 5150–5163.
- De-la-Peña, C., Nic-Can, G.I., Galaz-Ávalos, R.M., Avilez-Montalvo, R., Loyola-Vargas, V.M. (2015) The role of chromatin modifications in somatic embryogenesis in plants. *Front Plant Sci*. doi: 10.3389/fpls.2015.00635.
- D'Hont, A., Grivet, L., Feldmann, P., Glaszmann, J.C., Rao, S., Berding, N. (1996) Characterisation of the double genome structure of modern sugarcane cultivars (*Saccharum* spp.) by molecular cytogenetics. *Mol Gen Genet* 250: 405–413.
- Dias, L.L.C., Ribeiro, D.M., Catarina, C.S., Barros, R.S., Floh, E.I.S., Otoni, W.C. (2010) Ethylene and polyamine interactions in morphogenesis of *Passiflora cincinnata*: effects of ethylene biosynthesis and action modulators, as well as ethylene scavengers. *Plant Growth Regul* 62: 9–19.
- Dilley, D.R., Kuai, J., Poneleit, L., Zhu, Y., Pekker, Y., Wilson, I.D., Burmeister, D.M., Gran, C., Bowers, A. (1993) Purification and Characterization of ACC Oxidase and Its Expression during Ripening in Apple Fruit. p. 46–52 46–52.
- Distler, U., Kuharev, J., Navarro, P., Levin, Y., Schild, H., Tenzer, S. (2014) Drift time-specific collision energies enable deep-coverage data-independent acquisition proteomics. *Nat Methods* 11: 167–170.
- Ecker, J.R. (1995) The Ethylene Signal Transduction Pathway in Plants. *Science* (1979) 268: 667–675.

- El Meskaoui, A., Desjardins, Y., Tremblay, F.M. (2000) Kinetics of ethylene biosynthesis and its effects during maturation of white spruce somatic embryos. *Physiol Plant* 109: 333–342.
- Ellis, D. (1995) Genetic Transformation of Somatic Embryos. p. 207–220 207–220
- Fatland, B., Anderson, M., Nikolau, B.J., Wurtele, E.S. (2000) Molecular biology of cytosolic acetyl-CoA generation. *Biochem Soc Trans* 28: 593–595.
- Fatland, B.L., Ke, J., Anderson, M.D., Mentzen, W.I., Cui, L.W., Allred, C.C., Johnston, J.L., Nikolau, B.J., Wurtele, E.S. (2002) Molecular Characterization of a Heteromeric ATP-Citrate Lyase That Generates Cytosolic Acetyl-Coenzyme A in *Arabidopsis*. *Plant Physiol* 130: 740–756.
- Fehér, A. (2015a) Somatic embryogenesis — Stress-induced remodeling of plant cell fate. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Gene Regulatory Mechanisms* 1849: 385–402.
- Fehér, A. (2015b) Somatic embryogenesis — Stress-induced remodeling of plant cell fate. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Gene Regulatory Mechanisms* 1849: 385–402.
- Fehér, A. (2003a) Transition of somatic plant cells to an embryogenic state. *Plant Cell Tissue Organ Cult* 74: 201–228.
- Fehér, A. (2019) Callus, Dedifferentiation, Totipotency, Somatic Embryogenesis: What These Terms Mean in the Era of Molecular Plant Biology?. *Front Plant Sci*. doi: 10.3389/fpls.2019.00536.
- Fehér, A.P.T.D.D. (2003b) Transition of somatic plant cells to an embryogenic state. *Plant Cell Tissue Organ Cult* 74: 201–228.
- Figueroa-Rodríguez, K.A., Hernández-Rosas, F., Figueroa-Sandoval, B., Velasco-Velasco, J., Aguilar Rivera, N. (2019) What Has Been the Focus of Sugarcane Research? A Bibliometric Overview. *Int J Environ Res Public Health* 16: 3326.
- Finkelstein, R.R., Gibson, S.I. (2002) ABA and sugar interactions regulating development: cross-talk or voices in a crowd? *Curr Opin Plant Biol* 5: 26–32.

- Fuentes, S.R.L., Calheiros, M.B.P., Manetti-Filho, J., Vieira, L.G.E. (2000a) The effects of silver nitrate and different carbohydrate sources on somatic embryogenesis in *Coffea canephora*. *Plant Cell Tissue Organ Cult* 60: 5–13.
- Fuentes, S.R.L., Calheiros, M.B.P., Manetti-Filho, J., Vieira, L.G.E. (2000b) The effects of silver nitrate and different carbohydrate sources on somatic embryogenesis in *Coffea canephora*. *Plant Cell Tissue Organ Cult* 60: 5–13.
- Gaspar, T., Kevers, C., Penel, C., Greppin, H., Reid, D.M., Thorpe, T.A. Review PLANT HORMONES AND PLANT GROWTH REGULATORS IN PLANT TISSUE CULTURE. 272–289p.
- Gong, W., Bak, D.T., Wendrich, J.R., Weijers, D., Laux, T. (2024) CDC48A, an interactor of WOX2, is required for embryonic patterning in *Arabidopsis thaliana*. *Plant Cell Rep* 43: 174.
- Gray, D.J., Purohit, A., Triglano, R.N. (1991) Somatic embryogenesis and development of synthetic seed technology. *CRC Crit Rev Plant Sci* 10: 33–61.
- Grefen, C., Städele, K., Růžička, K., Obrdlik, P., Harter, K., Horák, J. (2008) Subcellular Localization and In Vivo Interactions of the *Arabidopsis thaliana* Ethylene Receptor Family Members. *Mol Plant* 1: 308–320.
- Grivet, L., Arruda, P. (2002) Sugarcane genomics: depicting the complex genome of an important tropical crop. *Curr Opin Plant Biol* 5: 122–127.
- Grivet, L., Daniels, C., Glaszmann, J.C., D'Hont, A. (2004) A Review of Recent Molecular Genetics Evidence for Sugarcane Evolution and Domestication. *Ethnobotany Research and Applications* 2: 009.
- Groenewald, J.-H., Botha, F.C. (2008) Down-regulation of pyrophosphate: fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase (PFP) activity in sugarcane enhances sucrose accumulation in immature internodes. *Transgenic Res* 17: 85–92.
- Guo, Y., Wu, H., Li, X., Li, Q., Zhao, X., Duan, X., An, Y., Lv, W., An, H. (2017) Identification and expression of GRAS family genes in maize (*Zea mays* L.). *PLoS One* 12: e0185418.

- Gupta, S., Gupta, K., Nehra, C., Gaur, R.K., Yadav, D. (2023) Biotechnological Intervention for Sugarcane Improvement Under Salinity. *Sugar Tech* 25: 15–31.
- Hansen, H., Grossmann, K. (2000) Auxin-Induced Ethylene Triggers Abscisic Acid Biosynthesis and Growth Inhibition. *Plant Physiol* 124: 1437–1448.
- Hecht, V., Vielle-Calzada, J.-P., Hartog, M. V., Schmidt, E.D.L., Boutilier, K., Grossniklaus, U., de Vries, S.C. (2001) The *Arabidopsis Somatic Embryogenesis Receptor Kinase 1* Gene Is Expressed in Developing Ovules and Embryos and Enhances Embryogenic Competence in Culture. *Plant Physiol* 127: 803–816.
- Heinz, D.J., Mee, G.W.P. (1969) Plant Differentiation from Callus Tissue of *Saccharum* Species¹. *Crop Sci* 9: 346–348.
- Heringer, A.S., Barroso, T., Macedo, A.F., Santa-Catarina, C., Souza, G.H.M.F., Floh, E.I.S., de Souza-Filho, G.A., Silveira, V. (2015) Label-Free Quantitative Proteomics of Embryogenic and Non-Embryogenic Callus during Sugarcane Somatic Embryogenesis. *PLoS One* 10: e0127803.
- Heringer, A.S., Reis, R.S., Passamani, L.Z., de Souza-Filho, G.A., Santa-Catarina, C., Silveira, V. (2017a) Comparative proteomics analysis of the effect of combined red and blue lights on sugarcane somatic embryogenesis. *Acta Physiol Plant* 39: 52.
- Heringer, A.S., Reis, R.S., Passamani, L.Z., de Souza-Filho, G.A., Santa-Catarina, C., Silveira, V. (2017b) Comparative proteomics analysis of the effect of combined red and blue lights on sugarcane somatic embryogenesis. *Acta Physiol Plant* 39: 52.
- Heringer, A.S., Santa-Catarina, C., Silveira, V. (2018) Insights from Proteomic Studies into Plant Somatic Embryogenesis. *Proteomics*. doi: 10.1002/pmic.201700265.
- Hu, W., Gong, H., Pua, E. (2006) Modulation of SAMDC expression in *Arabidopsis thaliana* alters in vitro shoot organogenesis. *Physiol Plant* 128: 740–750.

- Ikeda, M., Mitsuda, N., Ohme-Takagi, M. (2009) *Arabidopsis WUSCHEL* Is a Bifunctional Transcription Factor That Acts as a Repressor in Stem Cell Regulation and as an Activator in Floral Patterning. *Plant Cell* 21: 3493–3505.
- Iqbal, N., Khan, N.A., Ferrante, A., Trivellini, A., Francini, A., Khan, M.I.R. (2017) Ethylene Role in Plant Growth, Development and Senescence: Interaction with Other Phytohormones. *Front Plant Sci.* doi: 10.3389/fpls.2017.00475.
- Iqbal, N., Trivellini, A., Masood, A., Ferrante, A., Khan, N.A. (2013) Current understanding on ethylene signaling in plants: The influence of nutrient availability. *Plant Physiology and Biochemistry* 73: 128–138.
- Irakova, T., Grozeva, S., Denev, I. (2012) Identification of BABY BOOM and LEAFY COTYLEDON genes in sweet pepper (*Capsicum annuum* L.) genome by their partial gene sequences. *Plant Growth Regul* 67: 191–198.
- Jamil, S., Shahzad, R., Talha, G.M., Sakhawat, G., Sajid-ur-Rahman., Sultana, R., Iqbal, M.Z. (2017) Optimization of Protocols for In Vitro Regeneration of Sugarcane (*Saccharum officinarum*). *International Journal of Agronomy* 2017: 1–8.
- Jiménez, V.M. (2005a) Involvement of Plant Hormones and Plant Growth Regulators on in vitro Somatic Embryogenesis. *Plant Growth Regul* 47: 91–110.
- Jiménez, V.M. (2005b) Involvement of Plant Hormones and Plant Growth Regulators on in vitro Somatic Embryogenesis. *Plant Growth Regul* 47: 91–110.
- Johnson, P.R., Ecker, J.R. (1998) THE ETHYLENE GAS SIGNAL TRANSDUCTION PATHWAY: A Molecular Perspective. *Annu Rev Genet* 32: 227–254.
- Ju, C., Chang, C. (2015) Mechanistic Insights in Ethylene Perception and Signal Transduction. *Plant Physiol* 169: 85–95.
- Kaur, R., Kapoor, M. (2016) Plant Regeneration Through Somatic Embryogenesis in Sugarcane. *Sugar Tech* 18: 93–99.

- Kawai, Y., Ono, E., Mizutani, M. (2014) Evolution and diversity of the 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase superfamily in plants. *The Plant Journal* 78: 328–343.
- Kende, H. (1993) Ethylene Biosynthesis. *Annu Rev Plant Physiol Plant Mol Biol* 44: 283–307.
- Krikorian, A.D., Berquam, D.L. (1969) Plant cell and tissue cultures: The role of Haberlandt. *The Botanical Review* 35: 59–67.
- Kumar, L., Futschik, M.E. (2007) Mfuzz: A software package for soft clustering of microarray data. *Bioinformation* 2: 5–7.
- Kumar, V., Parvatam, G., Ravishankar, G.A. (2009) AgNO₃ - a potential regulator of ethylene activity and plant growth modulator. *Electronic Journal of Biotechnology* 12: 0–0.
- Lacey, R.F., Binder, B.M. (2014) How plants sense ethylene gas — The ethylene receptors. *J Inorg Biochem* 133: 58–62.
- Lakshmanan, P. (2006) Somatic embryogenesis in sugarcane—An addendum to the invited review ‘sugarcane biotechnology: The challenges and opportunities,’ in vitro cell. Dev. Biol. Plant 41(4):345–363; 2005. *In Vitro Cellular & Developmental Biology - Plant* 42: 201–205.
- Lakshmanan, P., Geijskes, R.J., Aitken, K.S., Grof, C.L.P., Bonnett, G.D., Smith, G.R. (2005) Sugarcane biotechnology: The challenges and opportunities. *In Vitro Cellular & Developmental Biology - Plant* 41: 345–363.
- Lin, M., Oliver, D.J. (2008) The Role of Acetyl-Coenzyme A Synthetase in *Arabidopsis*. *Plant Physiol* 147: 1822–1829.
- Lin, X., Yang, D., Zhu, Y., Qin, Y., Liang, T., Yang, S., Tan, H. (2024) Changes in root metabolites and soil microbial community structures in rhizospheres of sugarcanes under different propagation methods. *Microb Biotechnol*. doi: 10.1111/1751-7915.14372.

- Lürssen, K., Naumann, K., Schröder, R. (1979) 1-Aminocyclopropane-l-carboxylic Acid - An Intermediate of the Ethylene Biosynthesis in Higher Plants. *Zeitschrift für Pflanzenphysiologie* 92: 285–294.
- Malik, P., Kaur, A., Bansal, M., Gosal, S.S. (2024) Media Optimization for Direct Somatic Embryogenesis, Regeneration in Sugarcane and Genetic Transformation using *cry1Ac* Gene. *Sugar Tech.* doi: 10.1007/s12355-024-01381-5.
- Manokari, M., Priyadarshini, S., Cokulraj, M., Dey, A., Faisal, M., Alatar, A.A., Alok, A., Shekhawat, M.S. (2022) Exogenous implications of silver nitrate on direct and indirect somatic embryogenesis and germination of cold stored synseeds of *Vanilla planifolia* Jacks. ex Andrews. *South African Journal of Botany* 150: 129–138.
- Mantiri, F.R., Kurdyukov, S., Lohar, D.P., Sharopova, N., Saeed, N.A., Wang, X.-D., VandenBosch, K.A., Rose, R.J. (2008) The Transcription Factor MtSERF1 of the ERF Subfamily Identified by Transcriptional Profiling Is Required for Somatic Embryogenesis Induced by Auxin Plus Cytokinin in *Medicago truncatula*. *Plant Physiol* 146: 1622–1636.
- Marsoni, M., Bracale, M., Espen, L., Prinsi, B., Negri, A.S., Vannini, C. (2008) Proteomic analysis of somatic embryogenesis in *Vitis vinifera*. *Plant Cell Rep* 27: 347–356.
- Martin, K.P. (2004) Plant regeneration protocol of medicinally important *Andrographis paniculata* (Burm. F.) Wallich ex Nees via somatic embryogenesis. *In Vitro Cellular & Developmental Biology - Plant* 40: 204–209.
- Maulidiya, A.U.K., Sugiharto, B., Dewanti, P., Handoyo, T. (2020) Expression of somatic embryogenesis-related genes in sugarcane (*Saccharum officinarum* L.). *J Crop Sci Biotechnol* 23: 207–214.
- Moffatt, B.A., Stevens, Y.Y., Allen, M.S., Snider, J.D., Pereira, L.A., Todorova, M.I., Summers, P.S., Weretilnyk, E.A., Martin-McCaffrey, L., Wagner, C. (2002) Adenosine Kinase Deficiency Is Associated with Developmental Abnormalities and Reduced Transmethylation. *Plant Physiol* 128: 812–821.

- Murashige, T., Skoog, F. (1962) A Revised Medium for Rapid Growth and Bio Assays with Tobacco Tissue Cultures. *Physiol Plant* 15: 473–497.
- Nanjo, Y., Skultety, L., Uváčková, L., Klubicová, K., Hajduch, M., Komatsu, S. (2012) Mass Spectrometry-Based Analysis of Proteomic Changes in the Root Tips of Flooded Soybean Seedlings. *J Proteome Res* 11: 372–385.
- Nautiyal, A., Ramlal, A., Agnihotri, A., Rashid, A. (2023) Stress-induced somatic embryogenesis on seedlings of *Azadirachta indica* A. Juss. by thidiazuron and its inhibition by ethylene modulators. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture (PCTOC)* 153: 357–366.
- Neves, M., Correia, S., Cavaleiro, C., Canhoto, J. (2021) Modulation of Organogenesis and Somatic Embryogenesis by Ethylene: An Overview. *Plants* 10: 1208.
- Neves, M.S. (2018) Efeito do etileno na embriogénese somática de tamarilho (*Solanum betaceum* Cav.).
- Ni, D.A., Sozzani, R., Blanchet, S., Domenichini, S., Reuzeau, C., Cella, R., Bergounioux, C., Raynaud, C. (2009) The *Arabidopsis MCM2* gene is essential to embryo development and its over-expression alters root meristem function. *New Phytologist* 184: 311–322.
- Nic-Can, G.I., Galaz-Ávalos, R.M., De-la-Peña, C., Alcazar-Magaña, A., Wrobel, K., Loyola-Vargas, V.M. (2015) Somatic Embryogenesis: Identified Factors that Lead to Embryogenic Repression. A Case of Species of the Same Genus. *PLoS One* 10: e0126414.
- Nic-Can, G.I., Loyola-Vargas, V.M. (2016) The Role of the Auxins During Somatic Embryogenesis. In: *Somatic Embryogenesis: Fundamental Aspects and Applications*. Cham: Springer International Publishing, p. 171–182 171–182.
- Oka, T., Nemoto, T., Jigami, Y. (2007) Functional Analysis of *Arabidopsis thaliana* RHM2/MUM4, a Multidomain Protein Involved in UDP-D-glucose to UDP-L-rhamnose Conversion. *Journal of Biological Chemistry* 282: 5389–5403.

- Osorio-Montalvo, P., Sáenz-Carbonell, L., De-la-Peña, C. (2018) 5-Azacytidine: A Promoter of Epigenetic Changes in the Quest to Improve Plant Somatic Embryogenesis. *Int J Mol Sci* 19: 3182.
- Park, J.-E., Park, J.-Y., Kim, Y.-S., Staswick, P.E., Jeon, J., Yun, J., Kim, S.-Y., Kim, J., Lee, Y.-H., Park, C.-M. (2007) GH3-mediated Auxin Homeostasis Links Growth Regulation with Stress Adaptation Response in *Arabidopsis*. *Journal of Biological Chemistry* 282: 10036–10046.
- Park, S., Rancour, D.M., Bednarek, S.Y. (2008) In Planta Analysis of the Cell Cycle-Dependent Localization of AtCDC48A and Its Critical Roles in Cell Division, Expansion, and Differentiation . *Plant Physiol* 148: 246–258.
- Passamani, L.Z., Bertolazi, A.A., Ramos, A.C., Santa-Catarina, C., Thelen, J.J., Silveira, V. (2018a) Embryogenic Competence Acquisition in Sugar Cane Callus Is Associated with Differential H⁺-Pump Abundance and Activity. *J Proteome Res* 17: 2767–2779.
- Passamani, L.Z., Bertolazi, A.A., Ramos, A.C., Santa-Catarina, C., Thelen, J.J., Silveira, V. (2018b) Embryogenic Competence Acquisition in Sugar Cane Callus Is Associated with Differential H⁺-Pump Abundance and Activity. *J Proteome Res* 17: 2767–2779.
- Passamani, L.Z., Reis, R.S., Vale, E.M., Sousa, K.R., Aragão, V.P.M., Santa-Catarina, C., Silveira, V. (2020) Long-term culture with 2,4-dichlorophenoxyacetic acid affects embryogenic competence in sugarcane callus via changes in starch, polyamine and protein profiles. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture (PCTOC)* 140: 415–429.
- Pelletier, J.M., Kwong, R.W., Park, S., Le, B.H., Baden, R., Cagliari, A., Hashimoto, M., Munoz, M.D., Fischer, R.L., Goldberg, R.B., Harada, J.J. (2017) LEC1 sequentially regulates the transcription of genes involved in diverse developmental processes during seed development. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. doi: 10.1073/pnas.1707957114.

- Pereira, L., Todorova, M., Cai, X., Makaroff, C., Emery, R., Moffatt, B. (2007) Methyl recycling activities are co-ordinately regulated during plant development. *J Exp Bot* 58: 1083–1098.
- Pietrocola, F., Galluzzi, L., Bravo-San Pedro, J.M., Madeo, F., Kroemer, G. (2015) Acetyl Coenzyme A: A Central Metabolite and Second Messenger. *Cell Metab* 21: 805–821.
- Pilarska, M., Malec, P., Salaj, J., Bartnicki, F., Konieczny, R. (2016) High expression of SOMATIC EMBRYOGENESIS RECEPTOR-LIKE KINASE coincides with initiation of various developmental pathways in in vitro culture of *Trifolium nigrescens*. *Protoplasma* 253: 345–355.
- Piperidis, G., Piperidis, N., D'Hont, A. (2010) Molecular cytogenetic investigation of chromosome composition and transmission in sugarcane. *Molecular Genetics and Genomics* 284: 65–73.
- Qiao, H., Shen, Z., Huang, S.C., Schmitz, R.J., Urich, M.A., Briggs, S.P., Ecker, J.R. (2012) Processing and Subcellular Trafficking of ER-Tethered EIN2 Control Response to Ethylene Gas. *Science* (1979) 338: 390–393.
- Quiroz-Figueroa, F.R., Rojas-Herrera, R., Galaz-Avalos, R.M., Loyola-Vargas, V.M. (2006) Embryo production through somatic embryogenesis can be used to study cell differentiation in plants. *Plant Cell Tissue Organ Cult* 86: 285–301.
- Ravanel, S., Gakière, B., Job, D., Douce, R. (1998) The specific features of methionine biosynthesis and metabolism in plants. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 95: 7805–7812.
- Reis, R.S., Vale, E. de M., Heringer, A.S., Santa-Catarina, C., Silveira, V. (2016) Putrescine induces somatic embryo development and proteomic changes in embryogenic callus of sugarcane. *J Proteomics* 130: 170–179.
- Reis, R.S., Vale, E.M., Sousa, K.R., Santa-Catarina, C., Silveira, V. (2021a) Pretreatment free of 2,4-dichlorophenoxyacetic acid improves the differentiation of sugarcane somatic embryos by affecting the hormonal balance and the accumulation of reserves. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture (PCTOC)* 145: 101–115.

- Reis, R.S., Vale, E.M., Sousa, K.R., Santa-Catarina, C., Silveira, V. (2021b) Pretreatment free of 2,4-dichlorophenoxyacetic acid improves the differentiation of sugarcane somatic embryos by affecting the hormonal balance and the accumulation of reserves. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture (PCTOC)* 145: 101–115.
- Rodríguez, F.I., Esch, J.J., Hall, A.E., Binder, B.M., Schaller, G.E., Bleecker, A.B. (1999) A Copper Cofactor for the Ethylene Receptor ETR1 from *Arabidopsis*. *Science* (1979) 283: 996–998.
- Roustan, J.P., Latche, A., Fallot, J. (1989) Stimulation of *Daucus carota* somatic embryogenesis by inhibitors of ethylene synthesis: cobalt and nickel. *Plant Cell Rep* 8: 182–185.
- Roustan, J.-P., Latche, A., Fallot, J. (1990) Control of carrot somatic embryogenesis by AgNO₃, an inhibitor of ethylene action: Effect on arginine decarboxylase activity. *Plant Science* 67: 89–95.
- Ruduś, I., Kępczyńska, E., Kępczyński, J. (2002) Regulation of *Medicago sativa* L. somatic embryogenesis by gibberellins. *Plant Growth Regul* 36: 91–95.
- Sakhanokho, H.F., Rajasekaran, K., Kelley, R.Y. (2009) Somatic Embryogenesis in *Hedychium bousigonianum*. *HortScience* 44: 1487–1490.
- Santner, A., Calderon-Villalobos, L.I.A., Estelle, M. (2009) Plant hormones are versatile chemical regulators of plant growth. *Nat Chem Biol* 5: 301–307.
- Santos, K.G.B., Mundstock, E., Bodanese-Zanettini, M.H. (1997) Genotype-specific normalization of soybean somatic embryogenesis through the use of an ethylene inhibitor. *Plant Cell Rep* 16: 859–864.
- Schaller, G.E., Binder, B.M. (2017a) Inhibitors of Ethylene Biosynthesis and Signaling. p. 223–235 223–235.
- Schaller, G.E., Binder, B.M. (2017b) Inhibitors of Ethylene Biosynthesis and Signaling. p. 223–235 223–235.

- Schnurr, J.A., Shockley, J.M., de Boer, G.-J., Browse, J.A. (2002) Fatty Acid Export from the Chloroplast. Molecular Characterization of a Major Plastidial Acyl-Coenzyme A Synthetase from *Arabidopsis*. *Plant Physiol* 129: 1700–1709.
- Shakeel, S.N., Gao, Z., Amir, M., Chen, Y.-F., Rai, M.I., Haq, N.U., Schaller, G.E. (2015) Ethylene Regulates Levels of Ethylene Receptor/CTR1 Signaling Complexes in *Arabidopsis thaliana*. *Journal of Biological Chemistry* 290: 12415–12424.
- Sharma, S., Rathi, N., Kamal, B., Pundir, D., Kaur, B., Arya, S. (2010) Conservation of biodiversity of highly important medicinal plants of India through tissue culture technology- A review. *Agriculture and Biology Journal of North America* 1: 827–833.
- Shu, K., Zhou, W., Chen, F., Luo, X., Yang, W. (2018) Abscisic Acid and Gibberellins Antagonistically Mediate Plant Development and Abiotic Stress Responses. *Front Plant Sci.* doi: 10.3389/fpls.2018.00416.
- Silveira, V., de Vita, A.M., Macedo, A.F., Dias, M.F.R., Floh, E.I.S., Santa-Catarina, C. (2013a) Morphological and polyamine content changes in embryogenic and non-embryogenic callus of sugarcane. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture (PCTOC)* 114: 351–364.
- Silveira, V., de Vita, A.M., Macedo, A.F., Dias, M.F.R., Floh, E.I.S., Santa-Catarina, C. (2013b) Morphological and polyamine content changes in embryogenic and non-embryogenic callus of sugarcane. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture (PCTOC)* 114: 351–364.
- Silveira, V., Ilochevet Segal Floh, E., Handro, W., Pedro Guerra, M. (2004) Effect of plant growth regulators on the cellular growth and levels of intracellular protein, starch and polyamines in embryogenic suspension cultures of *Pinus taeda*. *Plant Cell Tissue Organ Cult* 76: 53–60.
- Singh, A., Lal, U., Mukhtar, H., Singh, P., Shah, G., Dhawan, R. (2015) Phytochemical profile of sugarcane and its potential health aspects. *Pharmacogn Rev* 9: 45.

- Singh, P., Sinha, A.K. (2017) Interplay Between Auxin and Cytokinin and Its Impact on Mitogen Activated Protein Kinase (MAPK). p. 93–100 93–100.
- Smertenko, A., Bozhkov, P. V. (2014) Somatic embryogenesis: life and death processes during apical–basal patterning. *J Exp Bot* 65: 1343–1360.
- Snyman, S.J., Meyer, G.M., Koch, A.C., Banasiak, M., Watt, M.P. (2011) Applications of in vitro culture systems for commercial sugarcane production and improvement. *In Vitro Cellular & Developmental Biology - Plant* 47: 234–249.
- Snyman, S.J., Meyer, G.M., Richards, J.M., Haricharan, N., Ramgareeb, S., Huckett, B.I. (2006) Refining the application of direct embryogenesis in sugarcane: effect of the developmental phase of leaf disc explants and the timing of DNA transfer on transformation efficiency. *Plant Cell Rep* 25: 1016–1023.
- Stasolla, C., van Zyl, L., Egertsdotter, U., Craig, D., Liu, W., Sederoff, R.R. (2003) The Effects of Polyethylene Glycol on Gene Expression of Developing White Spruce Somatic Embryos . *Plant Physiol* 131: 49–60.
- Strader, L.C., Beisner, E.R., Bartel, B. (2009) Silver Ions Increase Auxin Efflux Independently of Effects on Ethylene Response. *Plant Cell* 21: 3585–3590.
- Strzalka, W., Ziemienowicz, A. (2011) Proliferating cell nuclear antigen (PCNA): a key factor in DNA replication and cell cycle regulation. *Ann Bot* 107: 1127–1140.
- Su, Y.H., Su, Y.X., Liu, Y.G., Zhang, X.S. (2013) Abscisic acid is required for somatic embryo initiation through mediating spatial auxin response in *Arabidopsis*. *Plant Growth Regul* 69: 167–176.
- Su, Y.H., Zhao, X.Y., Liu, Y.B., Zhang, C.L., O'Neill, S.D., Zhang, X.S. (2009) Auxin-induced *WUS* expression is essential for embryonic stem cell renewal during somatic embryogenesis in *Arabidopsis*. *The Plant Journal* 59: 448–460.
- Szklarczyk, D., Gable, A.L., Nastou, K.C., Lyon, D., Kirsch, R., Pyysalo, S., Doncheva, N.T., Legeay, M., Fang, T., Bork, P., Jensen, L.J., von Mering, C.

- (2021) The STRING database in 2021: customizable protein–protein networks, and functional characterization of user-uploaded gene/measurement sets. *Nucleic Acids Res* 49: D605–D612.
- Tang, W., Kim, T.-W., Oses-Prieto, J.A., Sun, Y., Deng, Z., Zhu, S., Wang, R., Burlingame, A.L., Wang, Z.-Y. (2008) BSKs Mediate Signal Transduction from the Receptor Kinase BRI1 in *Arabidopsis*. *Science* (1979) 321: 557–560.
- Thorpe, T.A. (2007) History of plant tissue culture. *Mol Biotechnol* 37: 169–180.
- Usadel, B., Kuschinsky, A.M., Rosso, M.G., Eckermann, N., Pauly, M. (2004) RHM2 Is Involved in Mucilage Pectin Synthesis and Is Required for the Development of the Seed Coat in *Arabidopsis*. *Plant Physiol* 134: 286–295.
- Vasil, I.K., Vasil, V. (1972) Totipotency and embryogenesis in plant cell and tissue cultures. *In Vitro* 8: 117–125.
- Wang, K.L.-C., Li, H., Ecker, J.R. (2002) Ethylene Biosynthesis and Signaling Networks. *Plant Cell* 14: S131–S151.
- Wang, Z.-Z., Zhang, S.-Z., Yang, B.-P., Li, Y.-R. (2005) Trehalose synthase gene transfer mediated by *Agrobacterium tumefaciens* enhances resistance to osmotic stress in sugarcane. *Sugar Tech* 7: 49–54.
- Waseem, M., Nkurikiyimfura, O., Niyitanga, S., Jakada, B.H., Shaheen, I., Aslam, M.M. (2022) GRAS transcription factors emerging regulator in plants growth, development, and multiple stresses. *Mol Biol Rep* 49: 9673–9685.
- Welker, C.A.D., Souza-Chies, T.T., Longhi-Wagner, H.M., Peichoto, M.C., McKain, M.R., Kellogg, E.A. (2015) Phylogenetic analysis of *Saccharum s.l.* (Poaceae; Andropogoneae), with emphasis on the circumscription of the South American species. *Am J Bot* 102: 248–263.
- Weng, L.-X., Deng, H.-H., Xu, J.-L., Li, Q., Zhang, Y.-Q., Jiang, Z.-D., Li, Q.-W., Chen, J.-W., Zhang, L.-H. (2011) Transgenic sugarcane plants expressing high levels of modified cry1Ac provide effective control against stem borers in field trials. *Transgenic Res* 20: 759–772.

- Winnicki, K. (2020) The Winner Takes It All: Auxin—The Main Player during Plant Embryogenesis. *Cells* 9: 606.
- Wurtele, E.S., Nikolau, B.J. (1992) Differential Accumulation of Biotin Enzymes during Carrot Somatic Embryogenesis. *Plant Physiol* 99: 1699–1703.
- Xavier, L.R., Almeida, F.A., Pinto, V.B., Passamani, L.Z., Santa-Catarina, C., de Souza Filho, G.A., Mooney, B.P., Thelen, J.J., Silveira, V. (2022) Integrative proteomics and phosphoproteomics reveals phosphorylation networks involved in the maintenance and expression of embryogenic competence in sugarcane callus. *J Plant Physiol* 268: 153587.
- Yan, R., Song, S., Li, H., Sun, H. (2022) Functional analysis of the eTM-miR171-SCL6 module regulating somatic embryogenesis in *Lilium pumilum* DC. Fisch. Hortic Res. doi: 10.1093/hr/uac045.
- Yu, Y.-B., Yang, S.F. (1979) Auxin-induced Ethylene Production and Its Inhibition by Aminoethoxyvinylglycine and Cobalt Ion. *Plant Physiol* 64: 1074–1077.
- Zale, J., Jung, J.H., Kim, J.Y., Pathak, B., Karan, R., Liu, H., Chen, X., Wu, H., Candreva, J., Zhai, Z., Shanklin, J., Altpeter, F. (2016) Metabolic engineering of sugarcane to accumulate energy-dense triacylglycerols in vegetative biomass. *Plant Biotechnol J* 14: 661–669.
- Zhang, S., Yang, B., Feng, C., Chen, R., Luo, J., Cai, W., Liu, F. (2006) Expression of the *Grifola frondosa* Trehalose Synthase Gene and Improvement of Drought-Tolerance in Sugarcane (*Saccharum officinarum* L.). *J Integr Plant Biol* 48: 453–459.
- Zhang, X., Köster, P., Schlücking, K., Balcerowicz, D., Hashimoto, K., Kuchitsu, K., Vissenberg, K., Kudla, J. (2018) CBL1-CIPK26-mediated phosphorylation enhances activity of the NADPH oxidase RBOHC, but is dispensable for root hair growth. *FEBS Lett* 592: 2582–2593.
- Zhao, J., Wang, B., Wang, X., Zhang, Y., Dong, M., Zhang, J. (2015) iTRAQ-based comparative proteomic analysis of embryogenic and non-embryogenic tissues of Prince Rupprecht's larch (*Larix principis-rupprechtii* Mayr). *Plant Cell, Tissue and Organ Culture (PCTOC)* 120: 655–669.

- Zheng, J., Yang, X., Harrell, J.M., Ryzhikov, S., Shim, E.-H., Lykke-Andersen, K., Wei, N., Sun, H., Kobayashi, R., Zhang, H. (2002) CAND1 Binds to Uneddylated CUL1 and Regulates the Formation of SCF Ubiquitin E3 Ligase Complex. *Mol Cell* 10: 1519–1526.
- Zheng, Y., Jiao, C., Sun, H., Rosli, H.G., Pombo, M.A., Zhang, P., Banf, M., Dai, X., Martin, G.B., Giovannoni, J.J., Zhao, P.X., Rhee, S.Y., Fei, Z. (2016) iTAK: A Program for Genome-wide Prediction and Classification of Plant Transcription Factors, Transcriptional Regulators, and Protein Kinases. *Mol Plant* 9: 1667–1670.
- Zhou, Y., Zhou, B., Pache, L., Chang, M., Khodabakhshi, A.H., Tanaseichuk, O., Benner, C., Chanda, S.K. (2019) Metascape provides a biologist-oriented resource for the analysis of systems-level datasets. *Nat Commun* 10: 1523.
- Zhu, Y.J., McCafferty, H., Osterman, G., Lim, S., Agbayani, R., Lehrer, A., Schenck, S., Komor, E. (2011) Genetic transformation with untranslatable coat protein gene of sugarcane yellow leaf virus reduces virus titers in sugarcane. *Transgenic Res* 20: 503–512.
- Zimmerman, J.L. (1993) Somatic Embryogenesis: A Model for Early Development in Higher Plants. *Plant Cell* 1411–1423.

APÊNDICE

Tabela Suplementar 1 Lista completa de proteínas identificadas ao final da etapa de pré-maturação sob os tratamentos 0,5 µM AgNO₃, 5 µM AgNO₃ e controle comparados entre si (0,5 µM AgNO₃/controle; 5 µM AgNO₃/controle; 0,5 µM AgNO₃/5 µM AgNO₃) em calos embriogênicos de cana-de-açúcar.

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Acesso	Ortólogos de Arabidopsis	Descrição	Controle_T0												AgNO3_0,5_T0												Teste T				Log2Fold Change			
			max score	peptídeos	Controle_T0	Controle_T0	Controle_T0	Controle_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T0	AVERAGE Controle_T0	AVERAGE AgNO3_0,5_T0	AVERAGE AgNO3_5_T0	AgNO3_5_T0/Controle_T0	AgNO3_5_T0/AgNO3_0,5_T0	AgNO3_5_T0/AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T0/Controle_T0	AgNO3_0,5_T0/AgNO3_5_T0	AgNO3_0,5_T0/Co role_T0	AgNO3_0,5_T0/Controle_T0	AgNO3_0,5_T0/Co role_T0	AgNO3_0,5_T0/AgNO3_5_T0	Clusters_T0								
Sipon_02G0028680-2B	PFD3	prefoldin subunit 3	2105,01	2	0	0	0	6773	5127	5974	0	0	0	5958	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	ÚNICA TREAT	-	ÚNICA TREAT	3					
Sipon_02G001780-2C	PPF-ALPHA2	pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit alpha-like	6103,21	20	118315	103584	121820	205734	156907	190826	124417	126989	118592	114573	184489	123333	0,010709567	0,225214549	0,014009402	0,69	0,11	0,58	-	-	-	-	UNCHANGED	3						
Sipon_05G0004840-4P	PLP2	Plastin-like protein 2	1116,73	2	0	0	0	701	854	497	0	0	0	684	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	ÚNICA TREAT	-	ÚNICA TREAT	3					
Sipon_02G0053250-1C	PLP3	plastin-like protein 1	349,88	9	21648	21367	17041	69859	43689	52904	48869	20496	15412	20019	55484	28259	0,010477239	0,477060167	0,102972815	1,47	0,50	0,97	UP	UNCHANGED	UNCHANGED	3								
Sipon_04G0017870-1A	PV42A	SNF1-related protein kinase regulatory subunit gamma-like	2332,07	10	0	0	0	4588	9642	6569	0	0	0	6933	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	ÚNICA TREAT	-	ÚNICA TREAT	3					
Sipon_01G0021240-2B	Q94CC6_ARATH	putative protease ED2A	1673,81	3	14468	13478	14389	25888	25674	23038	5535	21093	25057	14112	24867	17228	0,00376315	0,628996689	0,273828963	0,82	0,29	0,53	UP	UNCHANGED	UNCHANGED	3								
Sipon_01G0026410-3D	Q94CL2_ARATH	O01g0955200	1327,05	0	0	0	0	5473	2632	4817	0	0	0	4307	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	ÚNICA TREAT	-	ÚNICA TREAT	3						
Sipon_02G0007770-1A	RABASA	Ras-related protein n RABASA	1931,21	2	0	0	0	2118	3075	1784	0	0	0	2326	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	ÚNICA TREAT	-	ÚNICA TREAT	3						
Sipon_01G0002740-1P	RABC2A	Ras-related protein in RABC2a	3223,97	5	7779	5978	6001	7768	11575	7692	3307	5114	5917	6596	9012	4780	0,161320424	0,137753345	0,04742504	0,45	-0,46	0,91	UNCHANGED	UNCHANGED	UP	3								
Sipon_01G0025010-1A	RBG7	glycine-rich RNA-binding protein 2	4009,21	4	5595	7131	5101	10437	11189	8730	8783	3223	3465	5942	10118	5157	0,01173138	0,702786906	0,064087699	0,77	-0,20	0,97	UP	UNCHANGED	UNCHANGED	3								
Sipon_01G0053205-1C	RHM1	Trifunctional UDP-glucose 4-dehydrogenase/UDP-4-keto-6-deoxy-D-glucos-3-epimerase/UDP-4-keto-4-hexulose-3-dehydrogenase	3704,34	27	54471	61924	56927	97220	84221	104680	80105	77696	62026	57774	95374	73276	0,004115746	0,603255024	0,055078379	0,72	0,34	0,38	UP	UNCHANGED	UNCHANGED	3								
Sipon_08G0003610-3C	RPL27C	60S ribosomal protein L7	3291,06	6	8281	8361	9099	14307	10719	14084	6370	7077	6012	8578	13036	6486	0,019962021	0,006730677	0,005510134	0,60	-0,40	1,01	UP	UNCHANGED	UP	3								
Sipon_04G0021610-3C	RPL9B	60S ribosomal protein L9	4881,85	0	0	0	0	6039	5217	565	0	0	0	5655	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	ÚNICA TREAT	-	ÚNICA TREAT	3						
Sipon_01G0048540-1B	RPS18A	40S ribosomal protein S18	21210,51	11	34543	34538	37652	159652	141259	150949	31406	31301	3109	35578	150620	31249	2,89688E-05	0,014254046	2,3243E-05	2,08	-0,19	2,27	UP	UNCHANGED	UP	3								
Sipon_01G00371240-1B	RPS20B	40S ribosomal protein S20	18329,46	4	0	0	0	140496	150648	133428	0	0	0	141524	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	ÚNICA TREAT	-	ÚNICA TREAT	3						
Sipon_01G0067140-1A	RPS3AA	40S ribosomal protein S3a	8869,85	18	40261	40895	45721	73648	59083	73662	41849	48143	49192	42292	68797	46395	0,006779609	0,2259124	0,0140214	0,70	0,13	0,57	UP	UNCHANGED	UNCHANGED	3								
Sipon_02G0004290-2C	SC32	Scarecrow-like protein 32	3045,11	6	0	0	0	819	1148	789	0	0	0	919	0	-	-	-	-	-	-	-	-	ÚNICA TREAT	-	ÚNICA TREAT	3							
Sipon_01G0007660-1A	SCP149	Serine carbon-peptides-like precursor	3974,52	19	3285	30701	32811	82399	93195	73420	27351	28983	31199	32126	83005	29844	0,000907107	0,292151836	0,00882493	1,37	-0,11	1,48	UP	UNCHANGED	UP	3								
Sipon_02G0029860-1A	SHM1	Serine hydroxymethyltransferase	1152,34	5	11717	7625	8393	17882	15961	15174	3810	9606	8040	9245	16339	7152	0,00892368	0,38317138	0,00856761	0,82	-0,37	1,19	UP	UNCHANGED	UP	3								
Sipon_04G0002700-3D	T16O11.11	Importin subunit beta-1	903,14	13	0	0	0	5492	6081	5254	0	0	0	5609	0	-	-	-	-	-	-	-	-	ÚNICA TREAT	-	ÚNICA TREAT	3							
Sipon_05G00181780-1B	T22P22.110	Glycosyl hydrolase family 31 protein	2156,79	21	5596	4655	5516	11525	11719	8947	6449	4612	4972	5256	10730	5344	0,004375388	0,89608285	0,006969269	1,03	0,02	1,01	UP	UNCHANGED	UP	3								
Sipon_03G0015230-1A	UKS2	UDP-glucuronic acid decarboxylase 4	429,59	3	3740	2752	2648	5351	5530	4985	2485	2988	2950	3047	5289	2807	0,004249771	0,566780868	0,000402952	0,80	-0,12	0,91	UP	UNCHANGED	UP	3								
Sipon_07G000930-1A	XBCP3	jacalin lectin lectin 3	1788,98	5	0	0	0	5833	4649	6443	0	0	0	5658	0	-	-	-	-	-	-	-	-	ÚNICA TREAT	-	ÚNICA TREAT	3							
Sipon_03G00181740-2C	AACT1	putative acetyl-CoA acetyltransferase cytosolic 2	982,38	7	20783	19592	22739	19124	21377	18786	10757	14100	15764	21038	19762	13540	0,3568092	0,012423855	0,02084414	-0,09	-0,64	0,55	UNCHANGED	DOWN	UNCHANGED	4								
Sipon_01G0002150-1A	ACO3	Aconitate hydratase 1	6939,79	20	41049	36562	37450	40716	43608	45189	21386	29511	29150	38354	43171	26682	0,063976651	0,017375567	0,005063795	0,17	-0,52	0,69	UNCHANGED	UNCHANGED	UP	4								
Sipon_07G0004160-3D	AHBI	hemoglobin 2	915,29	2	21802	28372	31873	31009	25601	24213	0	0	0	27349	33007	0	0,382105244	-	-	-	-	-	-	-	UNCHANGED	UNICA CONTROL	UNICA TREAT	4						
Sipon_05G0007740-2B	ALDH10A9	betaine aldehyde dehydrogenase	5303,81	17	39433	29260	28438	32025	24257	26369	6181	8153	32377	27550	7195	0,317343046	0,002156144	0,001039007	-0,23	-0,17	1,94	UNCHANGED	DOWN	UP	4									
Sipon_01G0000620-1A	APR9	Actin-related protein 4	2339,27	10	25632	25710	24085	27364	21309	21345	19436	18985	25142	23339	16558	0,435081453	0,039836759	0,115712128	-0,11	-0,60	0,50	UNCHANGED	DOWN	UNCHANGED	4									
Sipon_01G0037140-1B	ASN2	asparagine synthetase	1677,66	8	65619	58338	53835	31196	52344	61258	25637	42495	44272	59264	31401	0,31375477	0,018864553	0,200050205	-0,30	-0,92	0,62	UNCHANGED	DOWN	UNCHANGED	4									
Sipon_04G0017510-4D	CAND1	Cullin-associated NEDD8-disassociated protein 1	7495,03	8	115293	105754	90087	81661	88830	104062	7138	11549	13905	103978	91518	10864	0,268205261	0,000226288	0,000305613	-0,18	-3,26	3,07	UNCHANGED	DOWN	UP	4								
Sipon_04G0021120-1A	CAT1-2	catalase	9748,02	19	431879	416869	429042	262675	445779	311052	165514	240065	331156	421930	339835	245578	0,192391965	0,019978479	0,26491076	-0,33	-0,79	0,47	UNCHANGED	DOWN	UNCHANGED	4								
Sipon_05G0006520-3C	CDC48D	cell division control protein 48 homolog D	1439,21	3	11784	12512	11945	10857	12275	11796	0	0	0	12080	11643	0	0,405923808	-	-0,05	-	-	-	-	-	UNCHANGED	UNICA CONTROL	UNICA TREAT	4						
Sipon_08G0024480-2P	CHI-B	chitinase	10987,98	5	54575	471205	371185	249485	364640	311623	181909	160799	213559	462655	308582	185422	0,063523531	0,006293747	0,026266844	-0,18	-0,73	0,73	UNCHANGED	DOWN	UP	4								
Sipon_07G0008410-1A	CHI-B	chitinase 2-like	2482,00	51	31284	35449	30049	23777	34263	39346	7819	18574	22037	32261	32429	16143	0,973984467	0,02449988	0,059780183	0,01	-1,00	1,01	UNCHANGED	DOWN	UNCHANGED	4								
Sipon_05G0016565-1T	CHIB1	xylanase inhibitor protein 2-like	9788,01	9	284413	282492	272817	252686	282502	262461	151747	137741	128376	281826	260416	137788	0,205125599	0,00100879	0,00149384	-0,11	-1,03	0,92	UNCHANGED	DOWN	UP	4								
Sipon_04G0010769-3C	CWIN2	cell wall invertase	625,79	4	34744	37933	32952	47349	33466	39116	27879	22627	26807	35210	39977	25771	0,328348117	0,012067728	0,030640715	0,18	-0,45	0,63	UNCHANGED	UNCHANGED	UP	4								
Sipon_03G0024550-1A	DA41	P-loop containing nucleotide triphophate hydrolase superfamily protein	1196,30	8	26594	27251	29414	21502	30418	25912																								

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Acesso	Ontólogos de Arabopásis	Descrição	Controle_TO												Teste_T												Log2FoldChange		Acumulo_diferencial	
			max score	peptides	Controle_TO_1	Controle_TO_2	AgNO3_0,5_TO_0_1	AgNO3_0,5_TO_0_2	AgNO3_0,5_TO_0_3	AgNO3_0,5_TO_1	AgNO3_0,5_TO_2	AgNO3_0,5_TO_3	AgNO3_5_TO_0	AgNO3_5_TO_1	AgNO3_5_TO_2	AgNO3_5_TO_3	Controle_TO	AgNO3_0,5_TO	AgNO3_5_TO	AVERAGE_AgNO3_0,5_TO	AVERAGE_AgNO3_5_TO	AVERAGE_AgNO3_0,5_TO_Co_ntrôle_TO	Average_AgNO3_5_TO_Co_ntrôle_TO	Average_AgNO3_0,5_TO_Contrôle_TO	Average_AgNO3_5_TO_Contrôle_TO	Average_AgNO3_0,5_TO_AgNO3_5_TO	Average_AgNO3_5_TO_AgNO3_5_TO	Average_AgNO3_0,5_TO_Co_ntrôle_TO_0	Average_AgNO3_5_TO_Co_ntrôle_TO_0	Average_AgNO3_0,5_TO_AgNO3_5_TO_0
Sipon_0G0015810-2B	AMY1	alpha-amylase isozyme 2A	1097.14	3	16802	18505	19473	16323	17972	13358	13828	10566	13476	18260	15584	12623	0.20234992	0.0121464	0.12757087	-0.20	-0.53	0.33	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_0BG0011360-2B	ANNAT7	annexin p33	15367.91	22	221721	227911	243315	20891	22807	229594	222318	247950	22802	23082	222430	232757	0.41133834	0.86883996	0.373201211	-0.05	0.01	-0.07	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_0BG0011160-4D	ANNAT7	annexin p33	13257.02	21	69451	66368	75331	72138	7904	77876	56960	63527	58416	70383	76354	59634	0.152705448	0.031104791	0.004602077	0.12	-0.24	0.36	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_04G0031110-1A	ANNAT7	annexin p35	8454.89	22	168717	165156	162447	201414	207052	198971	202303	194070	177404	165440	202479	191259	0.000248463	0.026736557	0.219038722	0.29	0.21	0.08	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_0G0025080-1A	AP22.13	TPR domain containing protein	6584.39	17	124493	111385	120204	118567	102540	115550	100792	131568	129600	118660	112219	120654	0.360726239	0.68069734	0.489519734	-0.08	0.02	-0.10	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_04G0009510-3D	AP2M	Acetylornithine acetyltransferase	3682.27	24	161826	13742	109583	111813	146667	162285	91467	151924	159393	128384	140255	134443	0.624804705	0.83529422	0.835698272	0.13	0.07	0.06	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_03G009670-1P	AP41	Aspartic protease A1	29207.71	17	214219	239507	257366	175097	254830	200065	140369	180130	204127	237031	20997	174875	0.36803186	0.050165453	0.30671794	-0.17	-0.44	0.26	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_07G0021630-1B	AP41	Aspartic protease A1	17215.43	14	51761	52969	55776	5633	80381	61730	66222	73289	53502	66149	73100	0.16177368	0.00872882	0.448015484	0.31	0.45	-0.14	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sipon_03G009670-1A	AP41	aspartic protease exopeptidase 1-like	7091.19	8	12443	5486	15252	6374	13884	14511	49549	20395	21854	11060	11590	30599	0.898728835	0.120169484	0.125479504	0.07	1.47	-1.40	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_07G0017790-2B	AP41	aspartic protease-like	512.19	3	21728	24450	25391	19250	23394	22786	25779	17889	23378	23856	21810	22349	0.294000824	0.594045087	0.848919101	-0.13	-0.09	-0.04	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_03G0015960-1A	AP42	Structure of recombinant cardiolipin S from Cynara cardunculus	600.78	2	6888	5147	5945	5879	7488	6825	6499	4931	5204	5994	6730	5545	0.343439716	0.55523872	0.152602297	0.17	-0.11	0.28	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_07G0001170-3D	AP44	ADP glucose pyrophosphorylase	994.20	6	13313	15870	15917	14892	19825	13852	2311	14973	16196	15033	16123	17827	0.626912684	0.131935338	0.594529939	0.10	0.25	-0.14	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_04G0015630-3C	AP41	aminopeptidase M1-A	7694.49	38	278317	303858	258547	24298	24919	253066	169910	247145	239697	280241	248628	218917	0.078431869	0.029649212	0.17	-0.36	0.18	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sipon_06G0021630-1B	AP41	Aminopeptidase M1	6997.55	38	154061	151234	149491	153773	148524	157972	137055	154844	149562	150095	153423	147154	0.433654677	0.64518809	0.35079567	0.03	-0.09	0.06	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_04G0015630-1A	AP41	Aminopeptidase M1-A	4207.16	16	23270	21593	2073	22160	24188	22846	18512	25082	21556	23065	21717	0.27690256	0.945347999	0.535142061	0.08	-0.01	0.09	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sipon_06G0015630-2B	AP41	Aminopeptidase P1	1350.22	14	104336	96000	95145	92912	97614	90030	74792	86394	95562	98494	93519	85582	0.246843921	0.125669996	0.282931359	-0.07	-0.20	0.13	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_06G0007190-1T	AP51	putative ADP-glucose pyrophosphorylase small subunit	1220.41	10	20905	22323	26226	20037	27996	21875	19817	21864	26049	23151	23103	22577	0.986598143	0.124518105	0.863684782	0.00	-0.04	0.03	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_02G0030070-1A	APT1	Adenine phosphoribosyltransferase 1	8302.89	11	151792	161535	143036	141221	141333	152902	188297	149510	140875	152121	145152	159561	0.350564984	0.156931961	0.393693974	-0.07	0.07	-0.14	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_01G002180-1B	APX1	Chain A, L-ascorbate peroxidase	84409.59	17	164193	167975	163025	159021	1581550	1685163	1635994	1731219	1583393	1605667	1613643	150202	0.305682245	0.929218062	0.51684289	-0.03	0.00	-0.03	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_07G000380-1A	APX1	L-ascorbate peroxidase 2, cytosolic	14391.27	14	277050	29367	263171	307592	261992	295578	329206	296465	278542	288877	315551	0.58344361	0.052379413	0.181623859	0.05	0.18	-0.13	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sipon_06G003940-1A	APX3	probable L-ascorbate peroxidase 4, peroxisomal	6585.77	12	342603	300851	311940	365927	317691	347866	311557	333842	341452	320865	343835	328950	0.282325726	0.619561091	0.422800435	0.10	0.04	0.06	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_05G0014310-1A	APX3	APx3 - Peroxisomal Ascorbate Peroxidase	5606.63	11	10182	10410	9596	8833	7426	8047	6351	8053	9375	10063	8102	7926	0.014379574	0.078316801	0.864576297	-0.31	-0.34	0.03	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_04G010390-4P	APX7	L-ascorbate peroxidase 5 Chloroplastic/Mitochondrial	1766.82	8	74729	84594	84983	88618	71285	87335	67868	85597	99839	81435	82413	84435	0.887881696	0.757649117	0.806508553	0.02	0.05	-0.03	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_05G0020680-3P	APY2	probable apyrase 3	554.65	2	21424	16761	18928	12274	18671	23061	6464	15162	15917	18082	1802	12514	0.776510998	0.247861229	0.276591038	-0.08	-0.61	0.52	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_05G0019680-2D	AQ1	aminopeptidase-1	1344.39	11	40343	36496	42109	45210	43643	37722	32311	40093	46023	39649	42192	39549	0.417982311	0.98279852	0.590209498	0.09	0.00	0.09	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_01G003310-3C	AR03	1,2-dihydro-3-keto-5-methylpentene dioxygenase 2	1868.48	5	39845	38030	35576	37360	39362	36773	49394	41884	37055	37817	37832	42778	0.992715583	0.621470129	0.249493040	0.00	0.18	-0.18	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_01G0026460-1A	AR03	1,2-dihydro-3-keto-5-methylpentene dioxygenase 1	1601.80	3	14991	30194	11471	14163	10030	11861	16740	17435	11876	12018	15350	0.306835212	0.587736563	0.197095363	-0.65	-0.30	-0.35	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sipon_06G008240-2B	ARF3-2	ADP-ribosylation factor 3	2820.74	2	35006	33239	39664	35770	34954	36825	46108	3332	19412	35969	35850	32950	0.954905159	0.732314958	0.765582626	0.00	-0.13	0.12	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_01G0026470-1D	ARFA1B	ADP-ribosylation factor	23181.89	13	48683	44593	467908	483361	477562	450828	300896	440656	447077	46864	470483	396210	0.827880872	0.232646413	0.201261225	0.01	-0.24	0.25	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_01G0015510-1A	ARFB1B	ADP-ribosylation factor-like	2335.01	6	9537	9069	6661	9094	9157	19516	9028	8422	9020	15523	15723	151853	124851	0.104626739	0.121061031	0.11	0.08	-0.77	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_01G0015510-2B	ARGAH1	Arginase 1 mitochondrial	1676.61	9	30045	35400	26989	19166	31826	23376	30330	27343	30811	24790	27187	0.248368090	0.30493232	0.595489725	-0.31	-0.18	-0.13	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sipon_04G0022620-2D	ARLBC	ADP-ribosylation factor-like protein 8C	602.84	2	17512	20505	19083	21085	18809	16304	0	21042	20124	18882	18732	20583	0.92870729	0.046496714	0.513882022	-0.01	0.12	-0.14	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_03G0045160-1D	ARP1	aleuronate	284.21	3	60691	93980	77966	64064	101179	43540	72178	57930	109137	77546	69594	79749	0.703101112	0.90865436	0.67832312	-0.16</td										

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Acesso	Ontólogos de Arabopásis	Descrição	Controle_TO												Teste_T												Log2FoldChange		Acumulo_diferencial	
			max score	peptides	Controle_TO_1	Controle_TO_2	AgNO3_0,5_TO_0_1	AgNO3_0,5_TO_0_2	AgNO3_0,5_TO_0_3	AgNO3_0,5_TO_1	AgNO3_0,5_TO_2	AgNO3_0,5_TO_3	AgNO3_5_TO_0	AgNO3_5_TO_1	AgNO3_5_TO_2	AgNO3_5_TO_3	AVERAGE_AgNO3_5_TO_0	AVERAGE_AgNO3_5_TO_1	AVERAGE_AgNO3_5_TO_2	AVERAGE_AgNO3_5_TO_3	AgNO3_0,5_TO_Co_ntrôle_TO	AgNO3_0,5_TO_Ag_NO3_5_TO	AgNO3_5_TO_Contrôle_TO	AgNO3_5_TO_Co_ntrôle_TO	AgNO3_0,5_TO_Ag_NO3_5_TO	Clusters_TO				
Sipon_03G0010040-1P	CICDH	isocitrate dehydrogenase NADP	15138,66	22	256409	272721	270978	334088	291034	330337	368853	282080	274211	266703	318486	308385	0,024433004	0,46826813	0,77678485	0,26	0,21	0,05	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_03G0010040-1A	CICDH	Cytosolic isocitrate dehydrogenase NADP	12409,39	21	111889	117734	130493	10263	94229	95485	124726	110084	91361	120339	98659	108723	0,03304621	0,365981726	0,38732392	-0,28	-0,14	-0,14	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_03G0010040-2B	CICDH	NADP-specific isocitrate dehydrogenase	9871,70	18	52839	41072	45246	70902	69174	58098	54081	65802	47391	46386	66058	55758	0,020458581	0,216255635	0,199642143	0,51	0,27	0,24	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_06G006100-1A	GLO	110 kDa U5 small nuclear ribonucleoprotein component	2160,63	22	76228	70486	70274	78882	64528	62950	79025	65552	78057	72329	68787	74212	0,549748782	0,72528707	0,46177047	-0,07	0,04	-0,11	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_07G004060-2B	CLPB1	heat shock protein HSP101	603,86	8	12279	11952	13726	9662	15940	10945	10459	14377	15888	12652	12182	13568	0,824822936	0,693910017	0,60993764	-0,05	0,10	-0,16	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_04G0016830-2C	CLPB4	Chaperone protein ClpB3, mitochondrial	736,09	11	31924	31961	34169	33804	25180	31627	30060	36305	36965	32685	30204	34444	0,40914952	0,490851024	0,28018472	-0,11	0,08	-0,19	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_05G0033130-1C	CIP1	Double Cip-N motif-containing 1-top nucleotide triphosphate hydrolase superfamily protein	1344,99	16	26739	22994	27454	28559	29747	32956	31981	27106	23920	25729	30421	27669	0,069695168	0,155289464	0,36367656	0,24	0,30	0,14	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_05G00212170-4D	CIP1	Double Cip-N motif-containing 1-top nucleotide triphosphate hydrolase superfamily protein	119,82	18	3852	43899	44599	41515	37760	42027	23298	35066	28409	42350	40434	28924	0,458161916	0,026550643	0,03476319	-0,07	-0,05	0,48	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_04G0007170-1P	CLPP2	ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit	137,03	4	67447	64027	7408	71540	91411	66810	59870	71951	64920	68504	76587	55580	0,374211422	0,537314212	0,255987907	0,16	-0,06	0,22	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_04G0007170-3C	CLPP2	ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit	793,26	3	66234	43144	36962	103687	70025	52732	60416	70960	42570	48690	75481	57982	0,19933854	0,489012409	0,36402437	0,63	0,25	0,38	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_04G0016890-1A	CIV1	chlorinate mutase2	441,85	2	16912	17258	18228	17701	14758	13562	0	14597	15275	17466	15340	14936	0,175003192	0,207407202	0,353400447	-0,19	-0,23	0,04	UNCHANGED	-	-	-				
Sipon_05G0024440-1B	CML13	calmodulin	2862,23	8	59162	69432	60355	58702	49447	59366	91697	70976	58990	62983	55838	73888	0,191988449	0,420561605	0,14770892	-0,17	0,23	-0,40	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_05G0020020-3D	CMLS0	Ost1g0137100	6646,56	7	112465	120026	114301	13423	110587	136920	53333	115001	116197	115598	12723	94911	0,250326608	0,76571093	0,21001434	0,14	-0,28	0,42	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_05G00212190-1A	CNXL1	Calnexin	7521,16	19	185502	167397	163820	194277	199655	199717	228139	214395	207970	172240	197753	216835	0,021212299	0,007536897	0,30569807	0,20	0,33	-0,13	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_05G00212190-2C	CNXL1	Calnexin	5320,32	23	143095	146824	162481	161920	146561	177359	181285	146575	143773	158080	157136	157211	0,364293096	0,568419872	0,777746109	0,10	0,06	0,04	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_05G0021880-2D	CNXL2	Molybdopterin biosynthesis protein CNXL	477,20	5	14612	18802	18744	22063	19883	20852	10117	21834	17449	20933	16467	0,080479746	0,185392331	0,26811986	0,27	-0,08	0,35	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sipon_05G0036910-1D	CDS1	6,7-dimethyl-8-ribityllumazine synthase	3398,42	6	42124	58277	45275	52295	51127	46280	62445	41713	42959	49900	48917	0,81177844	0,969707556	0,895334882	0,04	0,01	0,03	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sipon_05G0011550-1A	CDX5-1	putative cytochrome c oxidase subunit 5b-ile	1029,97	12	117378	161263	162459	158744	135172	158666	136095	162454	153033	149861	150414	0,386908051	0,375264735	0,961171725	0,15	0,16	-0,01	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sipon_05G0018985-1A	CP31A	RNA-binding protein CP318 chloroplastic	3175,98	4	8320	6511	40407	47586	35178	7753	69820	46347	8560	30173	41756	0,498685244	0,527789193	0,612919536	0,72	1,18	-0,46	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sipon_04G0101800-1A	CPA	N-carbamoylputrescine amidase	841,10	4	14955	17399	22442	21639	13353	17820	14236	18345	18265	17604	14968	0,484973436	0,307084559	0,424902908	-0,05	-0,29	0,23	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sipon_05G0011560-1A	CPK3	calcium-dependent protein kinase, isoform 2	1126,94	10	56417	52875	72112	73669	52241	74271	89467	76339	59506	60468	66727	75104	0,359927097	0,353952661	0,496926708	0,14	0,31	-0,17	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_05G0018290-1A	CPK4	calcium-dependent protein kinase 24	1077,14	10	56892	51454	53465	64164	45440	74151	57212	59795	57528	53937	61252	58178	0,411167303	0,076201119	0,734606113	0,18	0,11	0,07	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_01G0010410-1A	CPN10	chaperonin	1509,16	4	236783	236210	189610	175736	176379	173643	169529	224810	181789	220868	175253	192042	0,043485078	0,276597748	0,37370374	-0,33	-0,20	-0,13	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_05G0022448-1B	CPN20	chaperonin	3944,03	9	82069	83611	84596	87587	81880	89806	113185	91710	109285	83425	86424	104727	0,291872048	0,032738047	0,059406027	0,05	0,33	-0,28	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_08G0022500-3D	CPN20	Auxin response factor 7	3508,21	7	7429	7724	6340	6677	7152	6976	7020	7163	8929	7165	6995	7704	0,615190222	0,508617369	0,288813691	-0,05	0,20	-0,15	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_05G00212150-1A	CPN20	chaperonin10	896,77	7	31013	37094	31357	37510	32271	30688	46572	43736	50042	33155	33493	46783	0,911298846	0,007111416	0,00848356	0,01	0,50	-0,48	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_01G0019080-1A	CPN60	chaperonin	1579,16	37	326275	351964	328495	397350	349925	356501	429667	421276	404253	335578	367925	418399	0,129130993	0,001730016	0,038460242	0,13	0,32	-0,19	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_01G0019080-1P	CPN60	chaperonin CPN60-1, mitochondrial	6997,12	24	57063	56775	51572	63754	62989	61848	56675	55137	62863	57015	0,014420307	0,358473899	0,007851939	0,19	0,05	0,14	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-						
Sipon_03G0007170-1A	CPN60	chaperonin CPN60-2, mitochondrial	6145,30	9	110310	113905	107722	83986	92168	92286	94279	64568	76512	110645	89480	78453	0,002970382	0,021740058	0,290380797	-0,31	-0,50	0,19	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_01G0033710-1A	CPN60A1	Ku88LU large subunit-encoding protein subunit alpha, chloroplast	6858,45	27	67180	66305	68304	60538	54091	52493	76678	71786	81592	67263	55707	76685	0,010225444	0,031050761	0,005005276	-0,27	0,19	-0,46	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_01G0033710-1D	CPN60A1	Ku88LU large subunit-encoding protein subunit alpha, chloroplast	6851,02	26	105460	104086	107224	153234	138619	132871	141906	132853	151001	105990	141007	141920	0,004894428	0,023996648	0,159957316	0,42	0,43	-0,01	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_07G0010360-2B	CPN60A1	rBuCO large subunit-boding protein subunit alpha, chloroplast	2974,93	12	19907	19996	19291	27022	22609	25944	27836	19731	25192	18765	61252	58178	0,445370741	0,356279541	0,356808868	0,25	-0,17	0,42	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_08G0024130-1B	CPN60B2	Chaperonin 60S subunit beta 2 a chloroplastic	7654,32	36	164243	170485	175038	193655	198795	191569	191569	18072	22039	17683	19374	19265	0,222980884	0,248414031	0,957406193	0,22	0,21	0,01	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_03G0034520-1T	CpNf53	putative L-cysteine desulfhydrase 1	853,66	9	26905	28821	25237	24099	22184	24858	24028	21100	23800	2701																

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Acesso	Ónologos de Arabóspis	Descrição	Controle_T0												Teste_T												Log2FoldChange		ACUMULADO diferencial	
			max score	peptides	Controle_T0	Controle_T0	AgNO3_0,5_T0	Controle_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T0	AVERAGE AgNO3_0,5_T0	AVERAGE AgNO3_5_T0	AgNO3_0,5_T0/AgNO3_5_T0	AgNO3_0,5_T0/AgNO3_5_T0	AgNO3_0,5_T0/AgNO3_5_T0	AgNO3_0,5_T0/AgNO3_5_T0	Clusters_T0													
Sipon.04G0016490-2B	CSP2	glycine-rich protein 2-like	9149,22	7	637024	644932	634171	582068	596695	606812	236830	678769	693229	638709	595191	536276	0,005227689	0,513169988	0,714437683	-0,10	-0,25	0,15	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.05G0003520-1A	CSP3	glycine-rich protein 2b	17513,70	8	506499	560750	522055	549236	404618	465120	429044	548707	556626	529768	472992	511459	0,274959516	0,70065258	0,548913775	-0,16	-0,05	-0,11	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.04G0014600-2B	CY2	citrate synthase, glyoxosomal-like	8326,40	10	167012	161240	167324	174644	205693	191231	136088	169142	197740	165192	190523	167657	0,005097028	0,897259709	0,315497799	0,21	0,02	0,18	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.04G0014600-1A	CY3	citrate synthase, glyoxosomal-like	8238,90	17	112243	108441	110460	118784	134849	131037	103763	109407	123348	110182	128223	112173	0,022954281	0,777431597	0,101435236	0,22	0,02	0,19	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.04G0015999-1A	CY4	citrate synthase 4, mitochondrial-like	4318,60	23	131322	145948	165567	126905	136352	108348	128789	117983	126708	147612	123868	124493	0,139198434	0,091562019	0,947187244	-0,25	-0,25	-0,01	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.04G0020430-1A	CTIMC	trioleophosphate isomerase, cytosolic	7007,03	21	1278874	1160102	1254937	1295189	1308184	1288363	1136666	1514451	1342959	1231304	120579	1311025	0,194873324	0,436079397	0,732037277	0,07	0,11	0,04	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.03G002980-1A	CTIMC	trioleophosphate isomerase, cytosolic-like isoform XI	12211,75	9	154512	132469	135046	206048	178690	175962	76457	190717	152689	140676	186900	139954	0,017585753	0,982426815	0,290279723	0,41	-0,01	0,42	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.07G001310-4D	CUL1	Cullin-1	701,77	6	26758	28579	41410	36068	33149	34780	38189	32249	34666	35485	63333683	0,571647976	0,773951988	0,10	0,14	-0,03	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-						
Sipon.01G0029980-2C	CXE15	putative carboxylesterase 15	2531,56	9	91038	79879	97098	76192	82865	76470	68142	50458	64956	89338	78509	61186	0,119983374	0,0191927	0,04175993	-0,19	-0,05	0,36	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.02G0036600-1A	CXE15	putative carboxylesterase 15	1218,60	8	8947	3971	2907	4210	3749	8445	1899	4367	4244	5275	5468	3504	0,393463684	0,4315956	0,311345072	0,05	-0,39	0,64	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.04G0010010-2B	CIE2	gibberellin receptor GID1L2	2520,74	4	15460	15712	16086	15800	19699	15684	16574	17734	15402	15752	17061	16570	0,381516882	0,206701632	0,75691485	0,12	0,07	0,04	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.05G0024210-1B	CIXX1	Thioredoxin-like protein CXX1	4050,14	2	53823	67338	63749	44596	55520	52201	50841	62928	71818	61636	50772	61862	0,103772716	0,767802654	0,182531215	-0,28	0,01	-0,29	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.06G0004340-1A	CYC1-1	Cytochrome c1 heme protein mitochondrial	5146,86	9	100827	99221	116104	135813	97516	119806	105799	105384	117712	108497	0,374311165	0,727281217	0,51150598	0,16	0,04	0,12	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-						
Sipon.04G0016560-1A	CYCLASE2	Kynureine N-formamidase	2979,95	8	17983	20648	20786	36549	25718	22334	33686	23070	20602	19800	28200	27586	0,127962991	0,21998447	0,702067086	0,51	0,38	0,13	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.04G0016470-1A	CYP19-2	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	33359,92	11	952181	1032619	994322	1012344	941238	932915	720725	947414	1040519	993041	962166	902866	0,418639125	0,408626662	0,578818311	-0,05	-0,14	0,09	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.04G0011250-1A	CYP19-2	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	7506,34	15	1011922	1009060	104329	1046636	978490	965518	839645	944473	1010350	1021403	996881	931489	0,421934748	0,152028878	0,305582079	-0,04	-0,13	0,10	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.03G0039790-1B	CYP19-3	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP19-3	1588,84	4	23190	19316	21974	25438	25774	17334	17673	19449	21493	22849	18346	0,673480723	0,06826861	0,184981424	0,09	-0,23	0,32	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sipon.08G0017595-1B	CYP20-1	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, microsomal	2317,95	11	136014	182414	159886	163482	113109	91731	86025	134340	159438	137845	103729	0,336264634	0,0750022341	0,177199523	-0,21	-0,62	0,41	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sipon.01G0047450-1P	CYP22	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase H	2807,56	6	39459	42562	42545	29954	42420	30293	24037	27200	36869	41522	31692	0,152302121	0,038331032	0,439288081	-0,28	-0,50	0,22	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sipon.08G0011556-1A	CYP40	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CP40-like isoform XI	1170,62	4	39007	40927	41219	32092	36154	37396	39515	36563	39611	40384	35214	38563	0,041468196	0,2088498	0,150898082	-0,20	-0,07	-0,13	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.07G0017770-1A	CYP51G1	Sterol 14-demethylase	356,33	2	0	0	8804	9316	12213	6579	11548	10809	7972	8804	9389	10110	-	-	0,724561626	0,09	0,20	-0,11	-	-	-	-				
Sipon.01G0036120-1B	CYP74AA	allene oxide synthase	1472,37	11	39088	38918	36726	55362	40887	41519	43398	26547	30017	38244	45922	33221	0,183759055	0,396802595	0,145235627	0,26	-0,20	0,46	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.03G0028290-1B	CYS2	cysteine proteinase inhibitor 4-like	4662,86	7	57004	68435	50460	46769	75159	49193	36045	44966	56562	58633	57040	45858	0,8687389	0,182424617	0,361148682	-0,04	-0,35	0,31	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.03G0034950-1B	CYS6	multi-domain cystatin	6215,84	16	97471	126308	105717	109061	115450	106562	108916	12057	109832	110054	117433	981566026	0,47549018	0,236736882	0,00	0,10	-0,09	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sipon.03G0034930-3D	CYS6	multi-domain cystatin	5865,27	15	72497	96944	84203	99498	96188	99963	78797	134650	131638	84548	98549	115028	0,122126373	0,192370251	0,415866598	0,22	0,44	-0,22	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.03G0042420-1A	CYS6	cysteine protease inhibitor	5013,74	7	152338	179458	142018	250748	201622	198621	184794	180415	149831	157938	216979	171680	0,043415863	0,430065543	0,087866605	0,46	0,12	0,34	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.01G0018140-1A	CYT1	Manose-1-phosphate guanyltransferase 1	1093,13	2	31671	35450	34248	33381	42936	45597	42619	34978	36223	31789	40971	37940	0,154257882	0,187533949	0,54552114	0,28	0,17	0,11	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.07G0027630-2D	CYT5-B	Cytochrome b5	4707,66	6	93221	93859	96994	114531	93376	111175	134427	118261	87481	94692	106360	113390	0,154976211	0,247347152	0,688558867	0,17	0,36	-0,09	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.07G0027630-1B	CYT5-B	Cytochrome b5	3479,27	5	5661	5062	5367	5055	4942	5760	10292	6655	6066	5363	5265	7671	0,763884358	0,58414662	0,148245947	-0,03	0,52	-0,54	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.03G0038400-5C	CYT5-B	cytchrome b5	1274,70	2	33357	32388	26308	21329	34649	25012	32895	32361	26938	30684	26996	30731	0,4624490	0,98790138	0,44412174	-0,18	0,00	-0,19	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.01G0044460-3D	CYT5-E	cytochrome b5	1455,31	3	19858	21062	19149	26211	24347	20497	28295	24204	19633	20023	24352	24044	0,132432145	0,191824872	0,931151451	0,28	0,26	0,02	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.03G0001790-2D	CYT-C	cytochrome c	6530,18	3	26579	29267	25588	28312	30838	64515	12171	29589	27695	27145	41222	23152	0,296060757	0,510733215	0,234128532	0,60	-0,23	0,83	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.01G0052770-1C	DAP	transaminate/transerase, transferring nitrogenous group	9697,02	25	168412	149093	149493	151806	140799	148539	110961	150946	14985	155666	147048	137297	0,295143116	0,277689602	0,512146091	-0,08	-0,18	0,10	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.04G0028480-1B	DAP	putative L-diaminopimelate aminotransferase, chloroplastic	8423,04	15	12671	11978	10616	14329	14346	13805	9324	14090	15618	11751																

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Acesso	Ónologos de Arabidopsis	Descrição	Controle_T0												Teste_T												Log2FoldChange		Acumulo_diferencial	
			max score	peptídeos	Controle_T0_1	Controle_T0_2	Controle_T0_3	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T1	AgNO3_0,5_T2	AgNO3_0,5_T3	AgNO3_0,5_T4	AgNO3_0,5_T5	Controle_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T1	AgNO3_0,5_T2	AgNO3_0,5_T3	AVERAGE_Controle_T0	AVERAGE_AgNO3_0,5_T0	AVERAGE_AgNO3_0,5_T1	Average_AgNO3_0,5_T2	Average_AgNO3_0,5_T3	AgNO3_0,5_T0Controle_T0	AgNO3_0,5_T1Controle_T0	AgNO3_0,5_T2Controle_T0	AgNO3_0,5_T3Controle_T0	AgNO3_0,5_T0Co_nitro_T0	AgNO3_0,5_T1Co_nitro_T0	AgNO3_0,5_T2Co_nitro_T0
Sip005G00311760-1C	DHDP52	4-hydroxy-tetrahydrodipicolinate synthase 2 chloroplastic	716,43	4	33632	38183	36783	41027	48497	36986	46630	35098	42880	36199	42170	41536	0,175376613	0,21754775	0,90988286	0,22	0,20	0,02	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sip005G0004430-2P	DM	delta(24)-sterol reductase-like	769,95	6	44990	42207	49633	41002	47677	31569	28016	45920	40908	45610	40083	38278	0,343599098	0,271686716	0,81165625	-0,19	-0,25	0,07	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sip005G0036070-2C	DOG12	protein DOG1-like 2	542,83	2	23315	24715	15812	16117	25038	27801	27465	25132	23446	21281	23985	25347	0,722931694	0,246689156	0,55972061	0,11	0,25	-0,14	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sip005G0002980-1T	DRG3	developmentally-regulated GTB-binding protein 1	654,66	2	20277	22944	29669	26690	21335	24193	19560	23708	22512	24297	24173	21926	0,971233799	0,481010285	0,3384575	-0,01	-0,15	0,14	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sip005G0018330-1A	DRM1H	dormancy-associated protein 1	310,56	5	84838	88329	97984	74343	71929	71401	48112	91948	102995	90384	72558	81019	0,011523488	0,151324907	0,640675564	-0,32	-0,16	-0,16	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sip005G0009440-2P	DRP1A	dynamin-related protein 1A	700,47	7	33781	30481	33064	31712	33550	39947	28832	33002	36882	32442	35070	32905	0,383837522	0,683622477	0,560193983	0,11	0,02	0,09	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sip005G000450-2C	DRP3A	Dynamin-related protein 3A	604,53	11	28894	26615	28198	28577	25878	32460	19718	35403	32891	27902	28972	29337	0,625508496	0,947620534	0,05	0,07	-0,02	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sip005G0012320-1A	DSEL	phospholipase A1-II 7-like	8380,14	24	33043	30103	24363	25022	20752	10995	21106	21382	29170	25569	17828	0,397206175	0,0563150832	0,155563495	-0,19	-0,71	0,52	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sip005G0013740-1A	DSK2A	Ubiquitin-domain-containing protein DSks	786,99	5	23431	21873	25084	17052	19358	19335	16042	20543	20263	23463	18581	18949	0,015331919	0,059133191	0,83391571	-0,34	-0,31	-0,03	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sip005G0011030-1A	DTC	Mitochondrial dicarboxylate/tricarboxylate transporter	4656,81	6	46797	53761	53767	66350	56287	58432	47390	57469	61501	51442	60357	55454	0,081077475	0,449946332	0,398597663	0,23	0,11	0,12	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sip005G0020500-2P	DTX21	protein DETOXIFICATION 21-like	781,61	5	14216	13632	14625	13681	12900	14828	9068	13846	14158	13803	10931	0,6032325952	0,0984648	0,140130193	-0,04	-0,37	0,34	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sip005G0025100-1A	DUT	desoxyuridine 5'-triphosphate nucleotidohydrolase	6292,88	6	12978	115919	97680	89547	82666	81510	46711	91929	94008	84574	77549	0,036108191	0,109181411	0,676450808	-0,44	-0,56	0,13	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sip005G0003870-1A	E1_ALPHA	pyruvate dehydrogenase E1 component alpha subunit	2947,76	17	79133	83358	76738	81899	84293	75217	35740	66679	78347	80470	60255	0,838148262	0,204219397	0,194970978	0,01	-0,40	0,42	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sip005G0003870-4D	E1_ALPHA	formate-like protein 16	2924,84	33	84126	96170	103165	97040	82051	92092	96288	84367	84381	90394	88345	0,591320142	0,417591298	0,74727904	-0,06	-0,10	0,03	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sip005G003870-2P	E1_ALPHA	pyruvate dehydrogenase E1 component subunit alpha-2, mitochondrial	612,72	3	7388	7030	6024	4400	9190	6856	7080	4931	7146	6814	6815	6386	0,999387568	0,634751797	0,79706974	0,00	-0,09	0,09	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sip005G0008690-1A	EBM	Mannosylglucoprotein endo-beta-mannosidase	1253,65	7	34768	36132	34078	25095	35051	24248	26256	29894	35439	34993	28131	30530	0,123103296	0,178356381	0,612881377	-0,31	-0,20	-0,12	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sip005G0010050-1A	EBP1	ERBB-3 BINDING PROTEIN 1	6461,87	27	201080	19742	206790	260936	219545	239009	219395	209913	227465	202204	239830	218925	0,036715252	0,040659376	0,182746979	0,25	0,11	0,13	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sip005G003930-1B	EC04	Calcium-transporting ATPase 4, endoplasmic reticulum-type	520,16	9	39451	33427	38330	43561	43846	46242	41193	44537	39653	37069	44550	41794	0,021298267	0,114171234	0,174976763	0,27	0,17	0,09	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sip005G008350-1A	EC8IA	3-hydroxybutyryl-CoA dehydratase	498,26	2	15285	0	15178	15659	19292	25234	27896	18900	11655	15502	20345	19347	0,158075664	0,2656373651	0,86151096	0,39	0,32	0,07	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sip005G0034040-1B	EFF-1B61	elongation factor 1-delta 1	1182,48	11	424341	474422	485566	497211	364663	464974	484562	429326	416720	461443	442219	443416	0,685975759	0,557082498	0,980117807	-0,06	-0,06	0,00	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sip005G0017450-1A	EFTS	elongation factor Ts, mitochondrial	3901,58	8	80289	86689	72063	74891	73448	71234	66100	84533	92680	79680	73191	81104	0,211276852	0,881024184	0,375007166	-0,12	0,09	-0,15	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sip005G0026470-1A	EIF1	Eukaryotic translation initiation factor isoform 4E-2	789,07	3	44052	38666	42420	47548	43919	48581	34056	45219	44130	41713	46682	41135	0,08006778	0,88918282	0,220541423	0,16	-0,02	0,18	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sip005G0007780-3D	EIF1(SO)4G1	Eukaryotic translation initiation factor isoform 4G-2	1437,88	17	92891	76599	85623	96602	85783	104419	93066	84796	85061	91000	214635653	0,460794933	0,51203747	0,17	0,10	0,07	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-						
Sip005G0006080-2P	EIF2_GAMMA	eukaryotic translation initiation factor 2 subunit gamma	1359,90	9	85203	82299	95954	10075	78720	99103	117378	84927	74277	87699	92799	0,564292025	0,739376407	0,974686098	0,08	0,07	0,01	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sip005G0033080-1B	EIF2B	Eukaryotic translation initiation factor 2 subunit beta	1011,07	6	28001	30968	28292	33005	26574	28708	23700	25669	29087	30028	22692	0,676754575	0,048380344	0,05834266	0,05	-0,36	0,40	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sip005G0038130-2D	EIF2B	Eukaryotic translation initiation factor 2 subunit beta	774,94	6	28885	3025	29369	30763	27509	25973	22285	25225	23819	29427	28082	23776	0,406244363	0,03435564	0,059230187	-0,07	-0,31	0,24	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sip005G0012570-1A	EIF3G1	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit G-like	2571,12	11	108855	100185	110653	97224	85753	107116	85575	99319	103745	101654	96698	96213	0,229700885	0,178612057	0,95959196	-0,14	-0,15	0,01	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sip005G0018470-2P	EIF4A1	Eukaryotic initiation factor 4A	23116,17	19	240975	247229	242762	237648	218414	219822	191971	192067	198977	242155	215294	194339	0,053452808	3,70474E-05	0,009427226	-0,10	-0,32	0,21	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sip005G0018470-1A	EIF4A1	putative Eukaryotic initiation factor 4A-14	6527,34	14	157064	161570	161592	197239	181275	182444	187419	187512	194259	160705	186986	189730	0,007351275	0,004040156	0,650650772	0,22	0,25	-0,02	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sip005G0021450-2P	EIF4A3	inactive leucine-rich repeat serine/threonine-protein kinase At1g60320	2541,97	10	135291	129875	135349	120265	138281	125168	100469	130364	14612	133505	127904	125148	0,379611891	0,559115562	0,854290797	-0,06	-0,09	0,03	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sip005G0080790-1A	EIF4B1	eukaryotic translation initiation factor 4B	891,08	6	35036	36165	33943	35817	37563	40630	32757	39032	40139	35048	38003	37309	0,128522679	0,396918178	0,8093791	0,12	0,09	0,03	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sip005G000240-2B	EIF6-2	eukaryotic translation initiation factor 6	4612,70	8	77579	71634	73761	65757	65353	69176	59966	60936	72835	74325	66762	64589	0,023434784	0,095637916	0,640374315	-0,15	-0,20	0,05	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sip005G000240-3C	EIF6-2	eukaryotic translation initiation factor 6	4226,88	7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-				
Sip005G0004140-1P	ELF5A-1	Eukaryotic translation initiation factor 5A-1	7407,06	6	65224	65285	38351	36161	31034	24103	43129	64762	46210	56287	30433															

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Acesso	Ortólogos de Arabidopsis	Descrição	Controle_T0												Teste_T												ACUMULADO diferencial	
			max score	peptides	Controle_T0	Controle_T0	Controle_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_5_T0	AgNO3_5_T0	AVERAGE Controle_T0	AVERAGE AgNO3_0,5_T0	AVERAGE AgNO3_5_T0	AgNO3_0,5_T0Co ntrole_T0	AgNO3_5_T0Co ntrole_T0	AVERAGE AgNO3_0,5_T0Co ntrole_T0	AVERAGE AgNO3_5_T0Co ntrole_T0	Clusters_T0								
Sipon_01G0006180-1A	F13P17.9	Protein transport protein Sel1 subunit alpha	371,02	2	17833	16862	21899	20835	28866	30863	30231	26826	26191	18865	26854	27749	0,08360678	0,11090585	0,80304087	0,51	0,56	-0,05	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_05G00112970-1P	F14B2.12	uncharacterized protein LOC100277287	27288,89	18	448264	470497	464522	411681	476566	429964	339841	400999	447834	461094	439404	397925	0,348147083	0,120726392	0,323885797	-0,07	-0,21	0,14	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_06G00005130-4D	F14D16.29	uncharacterized protein LOC0803498	575,72	2	48548	50983	41882	46388	55709	59167	56724	58169	55918	47138	53755	56937	0,230797169	0,024867052	0,457384737	0,19	0,27	-0,08	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_03G0004290-3C	F14G9.19	Phosphoglycerate kinase	6773,89	19	38360	38021	39337	37985	38639	42107	3307	40761	44859	38573	39544	39549	0,514163397	0,094070858	0,99831756	0,04	0,04	0,00	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_03G0004290-1P	F14G9.19	Phosphoglycerate kinase	6171,90	20	19835	19678	22555	18748	21060	19918	17170	20125	21918	20690	19909	19737	0,53364905	0,599084738	0,61711393	-0,06	-0,07	0,01	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_01G0001800-1A	F14H20.12	NADH-ubiquinone oxidoreductase 18S subunit	3575,57	4	52680	65908	59524	58604	50103	53847	55401	66049	64084	59371	54185	61828	0,317353558	0,505414761	0,13489506	-0,13	0,06	-0,19	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_08G000290-1A	F14I14	Protease 2	2347,88	12	103334	99782	106859	83436	88472	94613	84461	72960	92916	10325	88840	83446	0,19295441	0,031641159	0,46117514	-0,22	-0,31	0,09	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_06G0000390-3D	F14M13.20	S-adenyl-L-methionine-dependent methyltransferase superfamily protein	332,62	2	0	8928	10117	9825	0	0	7785	7901	7384	952	9825	7690	-	0,696206063	-	0,05	-0,31	0,35	-	-	-	-		
Sipon_03G0010130-1P	F14P2.200	ketol-acid reductoisomerase, chloroplastic	9821,44	26	443188	446425	443199	501372	492614	506302	516121	505743	537988	444271	500996	535111	0,000175821	0,050017176	0,103762691	0,17	0,27	-0,10	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_03G0010130-1A	F14P2.200	ketol-acid reductoisomerase	8322,40	28	190321	194625	182848	178291	166447	182299	208858	208493	217413	189265	175679	211588	0,08171696	0,007757112	0,002999112	-0,11	0,16	-0,27	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_03G0021180-2C	F14P3.15	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit M-like	2692,73	18	75642	74541	80926	55233	51871	57590	28688	55204	62188	70736	54898	48883	0,001700498	0,05617149	0,458047762	-0,49	-0,66	0,17	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_03G000580-1A	F14P3.15	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit M-like	2669,15	18	336661	347497	332005	373244	360411	368609	439371	35719	375247	337821	367332	390579	0,05294243	0,104694434	0,40910962	0,12	0,21	-0,09	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_01G0016620-1A	F15C2L8	Adenylylucinase lyase	5542,00	24	53765	55335	61563	62096	56031	61227	68414	61695	69204	56888	59785	66438	0,39491303	0,047094865	0,094087741	0,07	0,22	-0,15	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_06G0007590-1B	F15K9.16	chitinase CLP-like	34789,01	18	1064358	1117943	889556	729629	882781	839915	908672	769388	803171	1023952	810775	825260	0,0566556838	0,071088107	0,82055242	-0,34	-0,31	-0,03	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_03G0027150-2C	F15K9.16	basic 7S globulin-like	437,15	2	28345	54684	50958	54852	30351	18544	45175	45654	50440	44662	34582	47090	0,4956421	0,185925155	0,3121925	-0,37	0,08	-0,45	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_02G0002590-2B	F15M7.1	Phosphatidylglycerol/phosphatidylinositol transfer protein	32783,37	4	569372	494369	493275	455040	520054	468535	545366	478830	500661	519005	481209	508086	0,303539142	0,749560317	0,38666603	-0,11	-0,03	-0,08	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_07G0002510-2B	F15N18.150	ER membrane protein complex subunit 1	1265,69	12	42978	42651	40543	41786	38075	50662	50586	51974	42601	42057	43308	48387	0,747441365	0,104013491	0,330652932	0,04	0,20	-0,16	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_07G0025210-1B	F15N18.150	ER membrane protein complex subunit 1	1004,40	12	29025	30864	27912	29198	28945	33052	28456	24849	23077	29267	30398	25437	0,514350055	0,10276492	0,075575743	0,05	-0,20	0,26	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_01G004350-1B	F17A17.37	predicted protein	19247,44	20	698707	668971	692991	652244	693007	675131	749528	692901	72624	687190	673461	721594	0,403980734	0,1366161048	0,07480783	-0,03	0,07	-0,10	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_01G003800-1A	F17A17.37	predicted protein	13142,59	9	136844	147669	13100	143932	159593	142830	107140	146131	141089	139104	147566	131453	0,230512078	0,086774556	0,281112927	0,09	-0,08	0,17	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_01G0042980-1P	F17A8.20	uncharacterized oxidoreductase AtAG09670	1013,17	4	6178	10510	7133	11265	9334	10552	21669	12005	10787	7940	10384	14851	0,162704501	0,13268105	0,267488916	0,39	0,90	-0,52	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_01G001560-2B	F17A8.20	oxidoreductase	882,90	6	29037	26538	22013	36659	25551	19095	16658	20836	21208	25862	27102	1952	0,33586279	0,067479829	0,227964497	0,07	-0,41	0,47	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_04G0027150-2C	F17H15.1	KH domain-containing protein	1516,49	10	125955	138161	117222	127652	115982	114163	126932	127116	134149	127112	119266	129465	0,348645083	0,173738603	0,104867488	-0,09	0,03	-0,12	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_03G0013240-2B	F17H15.2	Thioredoxin family Trp26	2181,42	5	43972	48513	49765	44745	43093	36333	32463	44331	36573	47416	41390	37789	0,12537142	0,069027189	0,452130011	-0,20	-0,33	0,13	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_03G0011990-1A	F17H15.6	d ⁻³ -exocysteine-containing protein / K homology domain-containing protein KH-domain	503,64	4	25948	23221	22908	25051	25967	21763	22666	29145	24487	24026	24260	25436	0,890724178	0,548936937	0,637914801	0,01	0,08	-0,07	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_08G0016150-2B	F17K2.3	Steine/threonine-protein phosphatase 2A 65 kDa regulatory subunit A beta isoform	6969,21	29	154611	162755	160801	152818	149294	163645	125371	152400	158165	19522	151319	14512	0,398369053	0,231764686	0,54218073	-0,06	-0,13	0,08	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_08G000260-2B	F17L22.120	protein-rich spliceosome-associated (PRP) family protein	553,80	2	48348	26543	34870	70873	36136	56832	0	49003	53610	36653	54614	51307	0,20744307	0,90077964	0,36036784	0,58	0,49	0,09	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_07G0002730-2D	F17M19.10	Pi starvation-induced protein	1132,34	2	25336	35094	39247	60382	46477	40528	0	44468	39553	33226	48529	4210	0,104704621	0,379938616	0,25139325	0,55	0,34	0,21	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_05G0017910-1A	F17M5.250	aspartic proteinase Asp1 precursor	1130,71	9	44659	46150	45342	27656	38035	32976	26210	30072	34152	45584	32889	30145	0,013846412	0,007231346	0,5072996	-0,47	-0,60	0,13	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_03G0011640-1A	F18A8.10	Probable inactive receptor kinase At2g26730 precursor	7284,45	5	24012	34433	27347	16719	28617	22239	9277	18886	31349	28597	22525	19837	0,25822473	0,284234991	0,729842194	-0,34	-0,53	0,18	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_04G0000120-2C	F18E5.200	quinone oxidoreductase PIIG3-like	14149,57	4	36599	39666	38451	30747	38527	35610	22781	34237	45418	38348	34961	34145	0,230606792	0,557735797	0,91179039	-0,13	-0,17	0,03	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_04G0003102-2D	F18E5.200	quinone oxidoreductase	331,53	3	13885	13879	14848	13265	12519	10175	13638	15057	17710	14211	12957	0,423782641	0,31110085	0,497592393	-0,32	-0,45	0,13	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Sipon_03G0017030-1A	F19B11.23	Translin family protein	537,24	2	16552	17171	13198	12621	11602	21234	0	14489	18174	15640	15152	16332	0,889500149	0,450027399	0,537564519	-0,05	0,06	-0,11	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_03G0003930-2D	F19F18.50	acetamidase/forna midazolase family protein isoform XI	2328,25	5	25339	19208	6726	18166	37828	18419	19006	17288	23298	17091	24804	19864	0,415946465	0,455393993	0,505501962	0,54	0,22	0,32	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_02G000850-1A	F19G10.11	unnamed protein product	11154,45	6	187007	171137	189094	150429	170002	169039	134712	198021	19745	182412	163157	177493	0,086872093	0,834990038	0,555717085	-0,16	-0,04	-0,12	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_04G000040-1A	F19J3.20	Trimeric LpxA-like enzyme	582,44	5	29695	23077	28694	32556	31978	26504	27305	30085	27143	30346	34443	0,318912121	0,335773456	0,42889557	0,16	0,68	-0,52	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Sipon_05G000260-3D	F19J3.27	bifunctional purine biosynthesis protein PurH	532,85	5	68781	64200	66277	89635	71376	73596	62462	78404	84561	66419	78202	75142	0,116623678	0,263845632	0,744010459	0,24	0,18	0,06	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Sipon_06G0008030-1A	F19K16.30	aspartyl protease family protein At1g0770-ke	890,99	3	10080	12601	11361	8386	14031	8733	10291	10793	11347	10383	12704	12074	0,649688828	0,584720213	0,458848122	-0,13	0,16</td							

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Acesso	Órteses de Avançadas	Descrição	Controle_T0												Teste T												Log2Fold Change		Acumulo diferencial	
			max score	peptídeos	Controle_T0	Controle_T0	Controle_T0	AgN03_0,5_T0	AgN03_0,5_T0	AgN03_0,5_T0	AgN03_5_T0	AgN03_5_T0	AVERAGE Controle_T0	AVERAGE AgN03_0,5_T0	AVERAGE AgN03_5_T0	AgN03_0,5_T0	AgN03_5_T0	AgN03_0,5_T0	AgN03_5_T0	AgN03_0,5_T0	AgN03_5_T0	AgN03_0,5_T0	AgN03_5_T0	AgN03_0,5_T0	AgN03_5_T0	Clauses_T0				
Spon_0106023220-2B	F8K4.21	Cysteine subunit alpha-1	1593.73	29	41074	40159	43509	39400	38968	38296	35190	33626	36413	41581	38888	35076	0.062356213	0.00716103	0.011782614	-0.10	-0.25	0.15	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Spon_010603240-3D	F8K7.10	tol-Pal system protein TolB-like	1085.71	9	14493	15705	16483	10130	12377	11155	2037	9463	11570	15560	11221	7690	0.07055577	0.059847825	0.029926794	-0.47	-1.02	0.55	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED					
Spon_010603240-2B	F8K7.10	tol-Pal system protein TolB-like	1077.11	10	26805	22112	26037	23253	28592	24304	10924	17866	22981	24985	25383	17297	0.864298581	0.11220063	0.102448181	0.02	-0.53	0.55	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED					
Spon_010603240-1A	F8K7.10	tol-Pal system protein TolB-like	906.29	7	11442	9827	9076	5868	9327	7710	4246	6832	8092	10115	7605	6590	0.104277069	0.074009647	0.053897564	-0.41	-0.62	0.21	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED					
Spon_010601080-2C	F8M21.160	RNA-binding KH domain-containing protein	1570.76	8	84993	86326	85894	60314	62077	63050	61203	73640	77775	85738	61814	70872	1.14738E-05	0.04080288	0.146997325	-0.47	-0.27	-0.20	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED					
Spon_010602450-2B	F8M21.160	Nucleic acid binding protein	1548.85	15	71475	62216	63814	66533	59485	68004	60837	78389	81286	65893	64674	73504	0.779801363	0.334712119	0.27031855	-0.03	0.16	-0.18	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED					
Spon_050101010-2B	F8M21.30	aldose 1-epimerase	1104.32	5	21033	18220	16065	6872	17494	888	14340	9428	13296	18443	11058	12354	0.107408594	0.042691091	0.736414172	-0.74	-0.58	-0.16	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED					
Spon_030003060-1A	F8N16.8	osmomin-like protein precursor	14066.32	12	1041525	974489	954378	778984	761763	729519	396792	683856	877837	990131	758859	652762	0.001597181	0.76509001	0.493301714	-0.38	-0.60	0.22	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED					
Spon_03007010-1A	F9D24.50	Phenylalanine- <i>t</i> RNA ligase, chloroplast/mitochondrial	396.81	3	10583	11023	10068	16869	12983	10876	13956	13282	12424	10558	13576	13211	0.164609485	0.008692234	0.853925316	0.36	0.32	0.04	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED					
Spon_0706006170-1P	F9G14.260	Putative PWYW domain family protein	641.81	7	35441	28793	28050	37515	31918	34325	26819	35000	39507	30761	34586	33775	0.251350447	0.330517971	0.851145111	0.17	0.13	0.03	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED					
Spon_070629200-2C	FAAH	Fatty acid amid hydrolase	6015.97	5	4237	7563	8330	2166	5941	5087	3958	6685	4429	6710	4398	5024	0.245069685	0.327329085	0.68198449	-0.61	-0.42	-0.19	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED					
Spon_0806010420-1P	FAB1C	Putative 1-phosphatidylsnatoin-phosphate kinase/zinc ion binding family	164.60	2	539314	446905	447527	542321	485805	543627	540900	526846	464172	477915	523918	513369	0.271949877	0.424010651	0.756564791	0.13	0.10	0.03	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED					
Spon_03028120-1B	FAB2	stearoyl- <i>c</i> -farnier-ester desaturase	5007.33	13	32115	28474	39705	31872	48969	28919	28150	41415	58724	33431	36587	42763	0.678496155	0.379293973	0.59918203	0.13	0.36	-0.23	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED					
Spon_0406015770-2C	FAH	fumarylacetoacetate	4746.80	19	67070	68415	57627	69927	65664	66224	6604	64119	61819	70371	67271	50847	0.33621889	0.191640407	0.24988856	-0.06	-0.47	0.40	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED					
Spon_040015770-1A	FAH	Fumarylacetoacetate	4570.69	14	113404	13847	138500	118567	120798	117956	127382	127910	134953	130117	119107	130082	0.260203639	0.996941935	0.13273841	-0.13	0.00	-0.13	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED					
Spon_010604710-2D	FAHD1	Fumarylacetoacetate (FAH) hydrolase family	1982.40	3	9524	9509	5423	4115	7968	4812	0	8013	5936	8152	5631	6974	0.235624979	0.273475682	0.73242447	-0.53	-0.23	-0.31	UNCHANGED	-	-					
Spon_0306018970-2C	FBA3	Fructose-biphosphate aldolase	8470.58	12	406211	366478	406004	362181	37895	406969	418003	390798	405926	392898	382682	404909	0.611142105	0.478375471	0.21791109	-0.04	0.04	-0.08	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED					
Spon_040122290-3C	FBA5	fructose-biphosphate aldolase 1, cytoplasmic	69948.51	29	527942	485621	477594	508282	413814	443790	472290	517478	606796	497052	455296	532188	0.261278771	0.454787323	0.187026587	-0.13	0.10	-0.23	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED					
Spon_040122290-2B	FBA6	fructose-biphosphate aldolase 1, cytoplasmic	67503.77	30	912756	647775	811580	948759	886299	706855	920275	795616	756069	797074	847304	822767	0.621368724	0.746877149	0.796050541	0.10	0.06	0.04	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED					
Spon_0300700790-1A	FBA6	fructose-biphosphate aldolase, cytoplasmic isoform	46559.93	19	888527	927440	850751	887832	861198	997409	106249	1316453	1356967	88806	915480	1245214	0.603456264	0.019745778	0.031027261	0.04	0.49	-0.44	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED					
Spon_0106013319-1P	F03	ferredoxin-3, chloroplastic	10637.78	5	48171	58507	73336	62899	77816	22329	12698	7985	60071	70156	74637	0.302717075	0.649836122	0.885164432	0.22	0.31	-0.09	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED						
Spon_0806008780-3C	F0HL	formate dehydrogenase 1, mitochondrial	7316.67	14	219395	220748	226290	170898	216561	180142	201906	183053	218192	221144	189201	201050	0.079641313	0.111679144	0.528734883	-0.23	-0.14	-0.09	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED					
Spon_0506039130-1D	FER4	ferritin	21168.83	9	173846	169943	174598	181523	168547	215393	87129	162822	178222	177296	188487	142724	0.326274348	0.34616177	0.219024286	0.13	-0.28	0.40	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED					
Spon_0706016170-4D	FER4	ferritin	11823.45	11	74456	69486	74790	77967	77462	96578	84462	73989	96539	72911	84002	84997	0.164082033	0.147355453	0.91783876	0.20	0.22	-0.02	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED					
Spon_0106047970-2D	Fesi1A	Fesi1A	1122.12	6	350610	371425	361485	332200	326362	347502	48276	375950	363677	361733	353111	407415	0.042016169	0.2950556	0.13348108	-0.11	0.17	-0.28	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED					
Spon_040000120-1A	FBZ	probable mediator of RNA polymerase II transcription subunit 36B	8844.24	10	152316	158692	179408	137436	149803	124774	148791	152064	157470	155459	141876	0.83348955	0.289804901	0.417400238	0.03	-0.11	0.13	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED						
Spon_020601130-2B	FKG15-1	FKS05-binding protein 2-1 precursor	1130.10	2	27573	36856	34391	31928	32924	25780	13883	39275	30311	32994	30211	27233	0.481014158	0.505706253	0.77378033	-0.13	-0.25	0.12	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED					
Spon_0606002460-1A	FKBP65	peptidyl-prolyl isomerase	26365.53	20	178056	169742	176361	196672	179943	147029	180259	169237	192357	174720	174548	180617	0.991296109	0.455358789	0.724340005	0.00	0.05	-0.05	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED					
Spon_0506004990-1A	FLA10	fascidin-like arabinogalactan protein 10 precursor	1866.22	8	60289	50926	63251	37320	68326	40794	34683	59657	67481	58155	48814	53924	0.423406336	0.708617082	0.732502184	-0.25	-0.11	-0.14	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED					
Spon_060600130-1A	FLA7	fascidin-like arabinogalactan protein 7 precursor	664.13	3	25846	26237	29498	23707	27645	23334	26419	22568	27471	27194	24895	25486	0.270847209	0.416674118	0.785521896	-0.13	0.09	-0.03	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED					
Spon_070618360-1A	FLX13	protein FLX1-like 3	741.94	4	28659	27826	28569	25082	21568	23022	19791	23899	2770	28351	23224	23600	0.00822963	0.09189058	0.881381951	-0.29	-0.26	-0.02	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED					
Spon_070601240-4D	FOLD2	Bifunctional protein Fold 2	1050.74	3	5807	11616	7754	4375	787	538	0	6496	760	8892	5807	6878	0.276763004	0.524529452	0.635856102	-0.52	-0.29	-0.23	UNCHANGED	-	-					
Spon_040629560-1B	FOLD4	bifunctional protein Fold 4, chloroplastic	4748.19	18	55704	50866	58784	52897	59502	62684	65881	73261	54887	57061	67276	0.50101623	0.029526171	0.05437933	0.06	0.29	-0.24	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED						
Spon_0306030500-2C	FQRL	NAD(P)H dehydrogenase (quinone) Q8R	663.91	2	24510	20135	34444	26801	27282	17104	14893	14999	31605	26363	23729	20499	0.649887293	0.48294531	0.64370536	-0.15	-0.36	0.21	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED					
Spon_0306022360-1A	FRL4A	FRIGDA-like protein 4 _a	725.25	5	30700	25961	26310	19094	18542	22899	13564	25371	21838	27657	20178	20258	0.02179933	0.124566001	0.984177171	-0.45	-0.45	-0.01	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED					
Spon_0306012830-2B	FTSH4	ATP-dependent zinc metalloprotease FTSH4	594.38	2	88727	7292	7705	72187	77631	76426	64719	73084	78427	79572	75414	72077	0.453247211	0.292404006	0.48256892	-0.08	-0.14	0.07	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED					
Spon_0506001530-1A	FTSZ1	cell division protein FtsZ homolog 1, chloroplastic-like	650.92	4	976	10276	10161	10834	11096	11293	9551	12448	14011	11074	11903	0.0075763	0.232340407	0.558671319	0.14	0.34	-0.10	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED						
Spon_05023980-1B	FUC1	alpha-L-fucosidase 1 precursor	869.42	4	18753	21903	17534	17827	17175	12961	15823	17547	15988	16984	1.062553636	0.161282282	0.574470606	-0.28	-0.19	-0.09	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED							
Spon_0306008570-1A	FYPP1	Serine/threonine protein phosphatase	624.03	3	35672	40809	24738	26448	27450	23070	22117	19818	19132	33740	25656	20355	0.217579349	0.090500595	0.029579759	-0.40	-0.73	0.33	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED					
Spon_01060120-2D	G248-1	G248-1 protein	465.82	3	10370	10200	11222	11992	9789	9008	12625	133																		

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Acesso	Ortólogos de Arabidopsis	Descrição	Controle_T0												Teste_T												Log2FoldChange			ACUMULADO diferencial		
			max score	peptides	Controle_T0	Controle_T0_1	Controle_T0_2	Controle_T0_3	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T1	AgNO3_0,5_T2	AgNO3_0,5_T3	AgNO3_0,5_T4	AgNO3_0,5_T5	Controle_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T1	AgNO3_0,5_T2	AVERAGE AgNO3_0,5_T0	AVERAGE AgNO3_0,5_T1	AVERAGE AgNO3_0,5_T2	AVERAGE AgNO3_0,5_T3	AVERAGE AgNO3_0,5_T4	AVERAGE AgNO3_0,5_T5	AgNO3_0,5_T0/Controle_T0	AgNO3_0,5_T1/Controle_T0	AgNO3_0,5_T2/Controle_T0	AgNO3_0,5_T3/Controle_T0	AgNO3_0,5_T4/Controle_T0	AgNO3_0,5_T5/Controle_T0	AgNO3_0,5_T0/AgNO3_0,5_T1	AgNO3_0,5_T0/AgNO3_0,5_T2
Spon.04G011789-1P	GAMMACAL2	mitochondrial NADH diquinoxone oxidoreductase 29 kDa subunit	1678,95	4	62883	65392	67671	52657	52652	50300	62808	59515	61107	65315	51870	60907	0,001070624	0,04818182	0,001119302	-0,33	-0,10	-0,23	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.04G008860-1A	GAPC1	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic	7708,30	30	2267070	2440629	2400109	2769411	2380428	2632684	2636917	2613952	2444061	2369269	2594174	2564976	0,147373185	0,071409209	0,832218391	0,13	0,11	0,02	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.05G0012300-2B	GAPC1	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 1, cytosolic	6419,27	25	1186996	1174605	1107722	1312231	1292043	1355584	1345196	1351690	123748	1156441	1319286	1311461	0,005974082	0,025213402	0,858699891	0,19	0,18	0,01	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.05G0012300-4D	GAPC1	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 1, cytosolic	4959,37	20	510692	507135	513473	456635	584846	455913	365295	431665	493592	510433	499131	430184	0,805211954	0,096489984	0,290465604	-0,03	-0,25	0,21	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.04G017360-2B	GAPCP1	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic	8913,61	18	49043	55000	49261	40983	45406	44463	56519	52081	56162	51101	43617	54921	0,034228083	0,188899611	0,004474215	-0,23	0,10	-0,33	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.08G00251750-1C	GAPCP1	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase GAPCP1 chloroplastic	3660,89	6	14312	21859	10341	21966	22460	23776	18391	22112	22254	15504	22734	20919	0,102073444	0,20768722	0,257309836	0,55	0,43	0,12	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.05G004855-1B	GDH1-2	glutamate dehydrogenase	983,94	7	38890	38812	35905	53755	45661	51693	67410	40987	42889	37769	50429	0,008383795	0,123218846	0,994970837	0,42	0,42	0,00	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-		
Spon.05G006065-1A	GDH2-2	glutamic dehydrogenase2	1199,62	5	37527	36558	31808	37114	31483	34998	37417	24433	28349	35298	34532	30067	0,28403709	0,345734952	-0,03	-0,23	0,20	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-		
Spon.07G000770-3C	GDI	Rab GDP dissociation inhibitor alpha	1961,38	12	18015	16943	18209	18980	25469	21306	19227	19150	17208	17689	21918	18528	0,055387906	0,146165728	0,16690133	0,31	0,07	0,24	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.07G000770-1A	GDI2	Guanosine nucleotide dissociation inhibitor 2	3188,78	15	77231	52857	74544	71011	77986	66963	57403	64613	65147	68207	71987	62394	0,674610976	0,513107824	0,07821523	0,08	-0,13	0,21	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.05G009190-3D	GDPDL3	glycerophosphodiester phosphodiesterase GDPOL3	943,14	8	33970	38116	44077	38006	36744	38831	37517	40163	35793	38721	37860	37824	0,788811437	0,792983925	0,98081087	-0,03	-0,03	0,00	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.05G009190-3B	GDPDL4	glycerophosphodiester phosphodiesterase GDPOL3	4682,02	18	13580	126740	123819	120591	115201	120968	150672	139093	150260	128787	118209	148595	0,071931967	0,032562375	0,005134279	-0,11	0,21	-0,32	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.04G009190-3C	GDPDL4	glycerophosphodiester phosphodiesterase GDPOL3	4540,52	17	166293	16046	171549	162040	143452	168330	144185	160663	157941	157960	170488	0,374809988	0,998711285	-0,07	-0,07	0,00	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-			
Spon.08G006100-1A	GEKI	D-aminoacyl-tRNA deacetylase	742,25	2	22727	20437	22726	27112	24852	31227	32627	31203	25916	21963	27730	29915	0,045950904	0,02180278	0,47712967	0,34	0,45	-0,11	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.03G004745-1A	GEP	probable glutamyl endopeptidase, chloroplastic	309,41	2	10059	12094	10452	11399	10658	12868	4281	10720	12178	10868	11642	9059	0,438524335	0,510189613	0,361961596	0,10	-0,26	0,36	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.08G019340-1B	GER2	GDP-L-fucose synthase 1	1048,11	3	23391	41682	23280	29713	44953	21965	45024	33870	22765	29451	32210	33886	0,777078937	0,643312038	0,866030124	0,13	0,20	-0,07	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.02G0026050-3C	GGAT1	Pentapeptide repeat-containing protein EL11 chloroplastic	1622,46	12	23663	19342	20038	26318	26566	24947	20313	33200	36466	21014	25944	29993	0,026175624	0,153720883	0,459815705	0,30	0,51	-0,21	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.01G001730-2C	GH3.1	GH3.1	4391,39	21	122363	126326	109355	138523	120686	129389	145963	147063	140122	119348	129533	144383	0,010800126	0,056366767	0,12	0,27	-0,16	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-		
Spon.01G001730-1A	GH3.1	probable indole-3-acetic acid amid synthetase GH1.8	3929,51	21	49118	49716	43896	40928	36052	38614	42533	43011	47577	38531	42086	0,017645224	0,491092192	0,086649296	-0,30	-0,18	-0,13	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-		
Spon.01G0040550-2C	GH3.1	indole-3-acetic acid amid synthetase	2909,29	23	90302	85410	100027	105229	93998	99206	74459	97685	91624	91913	94977	87923	0,232679733	0,651040907	0,206660464	0,11	-0,06	0,18	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.01G005770-3D	GH3.1	putative indole-3-acetic acid amid synthetase GH2.1	2882,41	16	85937	97825	100978	87111	97201	83799	74213	81938	82123	94913	89370	79788	0,4493682	0,048087511	0,122976912	-0,09	-0,25	0,16	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.03G005770-2C	GH3.1	putative indole-3-acetic acid amid synthetase GH2.1	2786,33	16	34680	46173	46818	41510	54065	44952	28385	28723	37191	42557	46842	31433	0,47477053	0,084965717	0,031047145	0,14	-0,44	0,58	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.07G0004480-2C	GH3.6	putative indole-3-acetic acid amid synthetase GH1.8	834,44	10	30188	43069	30606	32609	23239	34432	32047	24571	21028	34439	30993	25882	0,476313057	0,188286092	0,42540013	-0,19	-0,41	0,22	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.05G001719-3D	GF3	putative GF-interacting factor 2	1340,48	2	13048	17919	17554	13368	13596	14083	11347	12082	12556	16174	13682	11995	0,190073709	0,098617777	0,014671561	-0,24	-0,43	0,19	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.07G001886-10A	GIDP2	glycine o-xyloglucan endotranslocase, mitochondrial-like	854,17	5	20760	20797	23480	20969	21914	20447	21660	22155	22574	21679	21110	22130	0,598910801	0,056211934	0,113117816	-0,04	0,03	-0,07	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.04G0040450-1A	GIN1-1	Crytal Structure of the Major Glutamine Synthetase complexed with ADP and Methionine Sulfoximine	30227,32	21	530164	488378	53883	563262	479687	616942	291706	553868	498248	519122	553297	447941	0,46992397	0,30293873	0,09	-0,21	0,30	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-		
Spon.05G0028570-1A	GLN1-1	glutamine synthetase root isozyme 2	5142,56	16	49318	47756	59341	72282	56764	56484	41001	77336	63964	52072	64843	60767	0,059282361	0,48185308	0,742156998	0,32	0,22	0,09	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.05G0021990-1B	GLN2	plasticid glutamine synthetase	4356,51	9	8227	6523	9579	6613	7172	6342	3461	8049	8263	8110	6709	6591	0,201426932	0,464017175	0,94442857	-0,27	-0,30	0,09	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.03G0016170-1A	GLP4	rhicadhesin receptor precursor	1580,10	3	27287	28974	0	104493	54750	88914	53235	102995	30424	28130	82719	62218	0,021411289	0,136708734	0,47115249	1,56	1,15	0,41	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spon.05G009989-1A	GLT1	Glutamate synthase 1 NADH chloroplastic	5246,66	78	126863	106240	113611	159247	166464	176394	138154	176673	142583	115571	167368	152470	0,002691088	0,053170913	0,320369183	0,53	0,40	0,13	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-</td			

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Acesso	Ontólogos de Arthropoda	Descrição	Controle_T0												Teste_T												Log2 Fold Change		ACUMULADO diferencial	
			max score	peptídios	Controle_T0	Controle_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T0	AVERAGE_Controle_T0	AVERAGE_AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T0/Co	AgNO3_0,5_T0/Controle_T0	AgNO3_0,5_T0/Ag	AgNO3_0,5_T0/Controle_T0	AgNO3_0,5_T0/Co	AgNO3_0,5_T0/Controle_T0											
Sipon.05G0009790-1A	GRF3	14-3-3-like protein GF14-6	44511,85	20	354997	351090	383055	260790	221534	308477	262527	250532	27982	363048	263602	264397	0,021343986	0,01676855	0,077497183	-0,46	-0,46	0,00	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.05G0009790-4D	GRF3	14-3-3-like protein GF14-6	35370,25	17	373132	424213	431086	378342	321515	377767	318016	350458	359707	409527	359208	342515	0,127421264	0,038717761	0,501391538	-0,19	-0,26	0,07	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.05G0007380-1A	GRXC2	glutaredoxin-C5-like	1904,05	7	223372	291231	241567	204788	243596	216829	173010	245708	245800	252057	221737	221506	0,2630177	0,088518182	0,993525635	-0,18	-0,19	0,00	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.01G0020770-1A	GRX517	Monothiol glutare doxin-51	5146,42	25	61931	64105	65341	83653	71733	80063	86231	90584	74010	63792	74843	83608	0,016071017	0,017304074	0,447348082	0,30	0,39	-0,09	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.07G0005200-2C	GSA2	glutamate-1-semialdehyde 2,1-animotase	4060,49	15	38381	32499	32123	43312	427909	41376	59865	43873	49395	34334	42523	50985	0,017771975	0,030150453	0,144634112	0,31	0,57	-0,26	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.07G005200-1A	GSA2	glutamate-1-semialdehyde 2,1-animotase	2052,38	12	44050	37373	38878	50475	48874	45733	48094	42310	45996	40100	48360	45467	0,028192885	0,111415863	0,256996155	0,27	0,18	0,09	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.07G0142650-3D	GSH1	Glutamate-cysteine ligase chloroplastic	2586,41	13	68620	66614	74452	97266	91229	79764	50748	83053	89611	69895	89420	74471	0,028585158	0,072750625	0,316266671	0,36	0,09	0,26	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.03G014110-1A	GSTF11	glutathione transferase B isoform XI	1877,10	6	77152	72826	80463	66399	78520	64794	31845	56687	75779	76814	69905	54770	0,028526985	0,162915204	0,323020941	-0,14	-0,49	0,35	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.01G002010-1A	GSTF11	glutathione transferaseD10	1086,39	4	44956	44624	43902	41201	35046	32356	41180	30018	36622	44697	36201	35940	0,034623329	0,058276511	0,953026876	-0,30	-0,31	0,01	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.03G0057020-1A	GSTF13	glutathione S-transferase GSTF2	3246,30	7	785730	78069	785471	625600	625600	687678	34243	671713	723780	786090	689768	579279	0,05844901	0,158346095	0,42711033	-0,19	-0,44	0,25	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.03G0072440-1B	GSTF13	glutathione S-transferase 3	2424,42	10	426974	392850	397278	403606	403911	391609	347252	321572	368876	401848	380527	345900	0,032192929	0,030652757	0,19519619	-0,09	-0,22	0,14	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.07G013110-1T	GSTF13	glutathione S-transferase 4	1908,23	6	516344	512956	506706	576984	524675	562630	542750	498066	523601	512002	554763	521473	0,05428727	0,514175366	0,175919594	0,12	0,03	0,09	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.07G013110-1A	GSTF13	glutathione S-transferase 4	8552,73	8	35446	34854	43725	50522	43739	51103	14055	45198	40797	38008	48455	3350	0,048144511	0,669830893	0,20593308	0,35	-0,19	0,04	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.01G013140-2P	GSTU15	probable glutathione S-transferase GSTU	3363,88	11	109748	115710	103741	133868	119298	114164	85102	90590	95855	109733	120654	90516	0,21688157	0,014406373	0,041515689	0,14	-0,28	0,01	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.01G01360-7P	GSTU16	putative glutathione S-transferase GSTU	2384,82	9	29976	41440	33906	69470	31498	58460	76703	68687	40851	35107	53143	62081	0,200218161	0,076676162	0,58724142	0,60	0,82	-0,22	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.01G013310-1A	GSTU17	Glutathione S-transferase U7	8544,44	14	236214	22633	234125	264650	238180	262481	293348	228424	220949	230991	255104	247374	0,065387002	0,052381926	0,769180275	0,14	0,10	0,04	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.01G013400-1A	GSTU17	probable glutathione S-transferase GSTU	3291,04	9	91043	85179	74196	75061	64371	88236	51338	61255	72212	83472	75889	61602	0,42205075	0,048481629	0,193969726	-0,14	-0,44	0,30	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.01G013420-2B	GSTU17	glutathione S-transferase L2, chloroplastic-like	2375,43	11	18952	25440	19926	31014	14807	26115	28492	25571	18016	21439	23979	24026	0,65122655	0,52481176	0,993784208	0,16	0,16	0,00	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.06G002590-1B	GSTU17	probable glutathione S-transferase GSTU	1454,58	6	8030	12987	13749	13327	10786	11448	8408	7477	9611	11589	11854	8699	0,089294713	0,178589505	0,026712796	0,03	-0,45	0,48	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.01G017850-2B	GSTU17	bronze-2 prote	58398	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-					
Sipon.06G0018510-2B	GSTU18	probable glutathione S-transferase GSTU	3867,22	6	69006	62092	70326	60697	59591	59274	68050	68413	66809	67141	59692	67743	0,050019316	0,828184297	0,00251808	-0,16	0,01	-0,18	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.06G0018510-1T	GSTU18	uncharacterized protein LOC101978868	1590,70	6	62024	99877	108557	132840	107480	105719	79196	84157	100437	90146	115346	87930	0,20720711	0,84935222	0,065032695	0,36	-0,04	0,39	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.06G0018510-3C	GSTU18	probable glutathione S-transferase GSTU	1188,29	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-					
Sipon.01G011210-3P	GSTU18	putative glutathione S-transferase GSTU	752,40	5	149267	214835	168455	129735	126709	138087	149778	146126	14950	177519	131511	145951	0,080374667	0,182446946	0,024126839	-0,43	-0,28	-0,15	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.01G029750-1P	GSTU19	putative glutathione S-transferase par	1235,95	2	97703	102193	95723	97751	76371	80214	95408	90906	92609	98539	84779	92974	0,115068343	0,074527754	0,288999846	-0,22	-0,08	-0,13	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.01G029750-1A	GSTU25	probable glutathione S-transferase GSTU1	2505,95	13	699325	712026	723698	795046	719182	751219	730051	682954	736416	717113	761474	0,13171955	0,870442852	0,235260392	0,09	0,01	0,08	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sipon.05G002670-2C	GSTU25	glutathione transferase19	6055,85	5	70686	72268	87654	47554	93774	54624	48079	88540	112570	76869	65318	83062	0,493828593	0,76760875	0,495311328	-0,23	0,11	-0,35	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.02G0012850-1P	GSTU8	glutathione transferase GST 23	3216,67	9	35592	36401	35266	50043	43806	43743	67047	38454	36939	35753	45864	47480	0,008796523	0,297484909	0,879621526	0,36	0,41	-0,05	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.04G0025150-1P	GST21	glutathione S-transferase	4059,73	5	47415	52902	54158	47139	47483	45693	28844	37169	47918	51492	46772	37977	0,092280329	0,083676921	0,188121402	-0,14	-0,44	0,30	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.02G005060-7C	GST22	glutathione S-transferase	4304,19	7	320777	314869	288556	205671	434395	226575	243216	295151	378137	308067	288880	305502	0,087093070	0,952547121	0,859886722	-0,09	-0,01	-0,08	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.01G003540-2B	HDAV	histone H2A.Z variant 1	1081,64	6	27320	230638	218623	169531	177156	171259	196876	21443	219214	204860	210178	172649	0,01521228	0,162250616	0,006376536	-0,48	-0,20	-0,28	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.02G003780-2B	H2AXA	putative histone H2A.Z	3886,22	4	80447	71208	78829	60009	59205	56787	74759	62658	65054	58667	68647	0,00973856	0,138082204	0,47107588	-0,39	-0,16	-0,23	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sipon.03G0022050-3C	HACI	2-hydroxypropano-yl-CoA lyase	1378,97	12	123738	117836	126930	116855	121637	116114	93744	122207	132134	12655	118202	116028	0,219081591	0,603771548	0,860872545	-0,05	-0,08	0,03	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.02G000790-1T	HAT	zinc finger BED domain-containing protein 1	1095,52	13	130992	122145	124771	106036	103447	129247	95415	11894	131499	125969	112910	115303	0,204061946	0,383177909	0,866818733	-0,16	-0,13	-0,03	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.04G0017850-2B	HCCI	protein SC101 homolog, mitochondrial	615,06	2	18161	17071	17209	23028	20786	20844	20809	21980	19994	17480	21553	20928	0,00745306	0,006791189	0,540952903	0,30	0,26	0,04	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.06G0007620-T	HDA6	Histone deacetylase	738,42	5	27472	27680	30316	27809	27425	27604	27386	27495	27520	28489	27613	27467	0,3955873	0,377106119	0,286770473	-0,05	-0,05	0,01	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.03G000710-2C	HDT1	histone deacetylase HDT3	1652,55	6	50957	41514	34357	59465	45378	38125	46427	50564	36874	42302	47655	4462	0,534083046	0,70206091	0,705701091	0,17	0,08	0,09	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon.07G003330-3D	HDT3	histone deacetylase HDT2	2716,66	9	367955	356453	401249	317791	314757	304352	16861	227036	33277	375232	312300	242725	0,010944668	0,022890078	0,056800718	-0,26	-0,63	0,36	UN							

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Acesso	Ortologos de Analogs	Descrição	Controle_T0										Teste T										Log2 Fold Change		ACUMULADO DIFERENCIAL	
			max score	peptídeos	Controle_T0	Controle_T0	Controle_T0	AgN03_0,5_T0	AgN03_0,5_T0	AgN03_0,5_T0	AgN03_5,5_T0	AgN03_5,5_T0	Controle_T0	AgN03_0,5_T0	AgN03_5,5_T0	AVERAGE	AVERAGE	AVERAGE	AVERAGE	AVERAGE	AgN03_0,5_T0/Co- nrole_T0	AgN03_5_T0/Co- nrole_T0	AgN03_0,5_T0/Ag N03_5,5_T0	AgN03_5_T0/Co- nrole_T0	AgN03_5_T0/Co- nrole_T0	Clusters_T0
Spron_08G00016410-2B	H16-3	histone H1	2780,79	3	91933	88961	96424	91432	69576	125280	92161	109219	108554	92440	95609	103411	0,85713455	0,14294688	0,675538604	0,05	0,16	-0,11	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Spron_02G0011850-2P	HISN1B	ATP phosphoribosyltransferase, chloroplastic-like	3155,74	6	34278	23302	19353	30045	39950	36424	4805	41077	33867	25644	35473	26583	0,138579626	0,941138426	0,481175782	0,47	0,05	0,42	UNCHANGED	UNCHANGED	-	
Spron_01G0038840-2D	HISN4	Rho GTPase activation protein (RhoGAP) with PH domain	901,46	9	42153	37458	38231	34554	34950	33317	32303	39678	41382	39280	34274	37788	0,03092626	0,659585122	0,282039	-0,20	-0,06	-0,14	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Spron_04G0023080-2D	HISN6B	histidinol-phosphate amidotransferase	695,68	4	35873	40433	41979	38416	31549	40033	24539	35072	34282	39428	36666	31297	0,434926114	0,102305927	0,277059289	-0,10	0,33	0,23	UNCHANGED	UNCHANGED	-	
Spron_01G0020580-1P	HISN8	histidinol dehydrogenase, chloroplastic isoform XI	648,78	4	62396	48750	65884	69354	66071	59287	78095	56221	59912	62308	64534	0,746859967	0,534081805	0,78781818	0,06	0,11	-0,05	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Spron_05G0008110-3C	HIT4	ATP/GTP binding protein	1439,99	8	69090	78895	86677	79079	28074	77007	73575	71187	80783	78220	61387	75182	0,388750746	0,630802291	0,460524632	-0,35	-0,06	-0,29	UNCHANGED	UNCHANGED	-	
Spron_06G0005110-1A	HMG4	HMG-Y-related protein A	19291,39	10	312025	286465	342455	267611	31257	291422	241040	301605	332047	313648	290766	291564	0,334560728	0,518895933	0,97994118	-0,11	-0,11	0,00	UNCHANGED	UNCHANGED	-	
Spron_06G0005110-2B	HMG4	HMG-Y-related protein A	6692,35	8	243548	227848	249068	216808	217751	193044	117051	197352	228159	240155	292021	180854	0,03954010	0,153483655	0,452425703	-0,20	-0,41	0,21	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Spron_08G0006020-4D	HMG82	DNA-binding protein MBP18	1653,61	2	75320	49412	22422	77814	67826	57452	108916	59543	42531	49051	67697	70330	0,318109666	0,44417302	0,90520386	0,46	0,52	-0,06	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Spron_04G007360-2B	HOF2	Hsp70-Hsp90 organizing protein 3	7307,18	35	140977	157359	162751	156640	148148	163970	158975	158186	158092	153696	156253	158418	0,764842455	0,511051053	0,661077976	0,02	0,04	-0,02	UNCHANGED	UNCHANGED	-	
Spron_04G0011210-3C	HSP10-2	SM domain family protein	1866,12	2	70902	68710	69472	48413	74465	67418	48110	62670	82532	69698	6888	64437	0,799973891	0,62652246	0,689626969	-0,02	-0,11	0,10	UNCHANGED	UNCHANGED	-	
Spron_03G0011920-1A	HSP1	pop3 peptide	1190,27	2	30744	46482	10626	43217	49624	47207	53872	52009	42185	29284	46682	49355	0,174241609	0,141854464	0,547969667	0,67	0,75	-0,08	UNCHANGED	UNCHANGED	-	
Spron_07G0005149-3D	HSP60-3A	Chaperonin CPN60-like 2, mitochondrial	5202,54	13	356633	376482	352806	321825	338387	335085	376640	259586	305069	361973	331766	314432	0,072557226	0,251010515	0,646871142	-0,13	-0,20	0,08	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Spron_01G0021730-2B	HSP70-10	heat shock 70 kDa protein	10843,18	34	95600	94618	95233	127096	97766	108768	125378	100754	95886	95150	111220	107339	0,133403768	0,2528940	0,771799479	0,23	0,17	0,05	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Spron_01G0011510-1P	HSP70-14	Heat shock 70 kDa protein 14	9455,08	51	72961	70731	65076	58188	62468	62953	42598	57409	69589	61203	51678	0,039820322	0,02550294	0,120195988	-0,19	0,43	0,24	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Spron_07G0011510-2B	HSP70-14	Heat shock 70 kDa protein 14	9155,97	51	69772	67895	69360	82510	75949	86713	67279	78462	69090	81724	74801	0,162081217	0,202707296	0,230185463	0,24	0,12	0,13	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Spron_07G0011510-1A	HSP70-14	Heat shock protein 4	7934,83	26	201515	196143	176642	174069	177180	188176	165430	166277	184927	191500	179808	172210	0,250266395	0,123035532	0,377819644	-0,09	-0,15	0,05	UNCHANGED	UNCHANGED	-	
Spron_07G0011520-1A	HSP70-14	Heat shock protein 4	2481,10	16	122713	92688	136322	160909	93444	137369	130771	146399	133990	116411	130374	137054	0,576657841	0,18907653	0,757333636	0,16	0,24	-0,07	UNCHANGED	UNCHANGED	-	
Spron_04G005009-10A	HSP70-17	heat shock 70 kDa protein 17	221,82	2	209541	192032	363457	150490	24805	221055	178997	188902	202194	255010	205483	190031	0,465064569	0,301893474	0,62389739	-0,31	-0,42	0,11	UNCHANGED	UNCHANGED	-	
Spron_01G0052010-1C	HSP70-2	heat shock cognate 70 kDa protein-1	30722,04	35	203954	188601	201861	231094	219467	219722	265987	226611	247243	191818	226761	245114	0,08714564	0,189919189	0,19	0,31	-0,11	UNCHANGED	UNCHANGED	-		
Spron_01G0052010-1P	HSP70-2	heat shock cognate 70 kDa protein-1	2859,82	35	10162	7129	7054	8377	11464	12697	13888	11955	10389	8115	10846	11857	0,171724705	0,053896837	0,558812626	0,42	0,55	-0,13	UNCHANGED	UNCHANGED	-	
Spron_02G0005090-3C	HSP70-4	Heat shock protein 70	53806,92	40	878023	880005	834047	787201	805961	843898	900409	867990	873148	864025	812354	910516	0,086026082	0,337417916	0,086070508	-0,09	0,08	-0,16	UNCHANGED	UNCHANGED	-	
Spron_01G0051970-1P	HSP70-4	heat shock cognate 70 kDa protein 2	33818,13	24	1443	1220	1608	1320	1438	1661	1333	1359	1281	1424	1473	1324	0,758764626	0,433720051	0,219473384	0,05	-0,10	0,15	UNCHANGED	UNCHANGED	-	
Spron_07G0006270-3C	HSP70-4	putative mediator or RNA polymerase II transcription subunit 37c	31314,82	20	17910	15733	18669	19985	21642	18017	17774	17401	21791	17438	19881	18989	0,148646341	0,402535193	0,637351802	0,19	0,12	0,07	UNCHANGED	UNCHANGED	-	
Spron_05G0026250-1B	HSP70-4	putative mediator of RNA polymerase I transcription subunit 37c	20209,74	23	214286	201480	157805	144676	197966	167688	107053	184273	183572	191190	170170	158299	0,412989296	0,345796379	0,711715168	-0,17	-0,27	0,10	UNCHANGED	UNCHANGED	-	
Spron_06G0031530-1C	HSP70-4	heat shock cognate 70 kDa protein	2763,45	7	4215	7402	7322	7415	2891	7814	4095	6876	6873	6313	6040	5948	0,892345105	0,807061438	0,962376135	-0,06	-0,09	0,02	UNCHANGED	UNCHANGED	-	
Spron_03G0015810-1A	HSP70-4	heat shock cognate 70 kDa protein	2512,08	8	19701	19011	16134	16626	18610	15187	19900	19530	19661	15468	18206	13206	0,112210938	0,402121875	0,404805207	-0,35	-0,11	-0,24	UNCHANGED	UNCHANGED	-	
Spron_03G0015810-2B	HSP70-4	Heat shock 70 kDa protein 3	2469,14	5	13378	16290	14235	18890	12828	14670	3654	11169	12620	14634	15463	9148	0,9875137	0,132420775	0,12824511	0,08	-0,68	0,76	UNCHANGED	UNCHANGED	-	
Spron_03G0015810-3C	HSP70-4	heat shock cognate 70 kDa protein-1	2442,03	6	2904	3417	2827	4541	4049	4430	2803	4707	4211	2916	4340	3740	0,009614156	0,349951088	0,467375575	0,57	0,36	0,21	UNCHANGED	UNCHANGED	-	
Spron_03G0001660-1A	HSP70-6	Heat shock 70 kDa protein 6 chloroplastic	3449,72	27	81107	78213	77117	77309	74340	77860	113627	99323	108466	78812	76503	1071138	0,226149367	0,002086275	0,040208181	-0,04	0,44	-0,49	UNCHANGED	UNCHANGED	-	
Spron_01G0024740-1A	HSP70-6	Heat shock 70 kDa protein 6 chloroplastic	3407,48	29	211224	210515	195335	220374	192945	206840	228660	214485	231825	205692	206720	227090	0,918755555	0,057167832	0,123916011	0,01	0,14	-0,14	UNCHANGED	UNCHANGED	-	
Spron_01G0036170-2D	HSP70-8	heat shock 70 kDa protein 1	37091,21	2	10591	13329	0	705	15686	9132	0	11550	15455	11601	10641	13348	0,693949568	0,987062277	0,756653737	-0,17	0,16	-0,33	-	-	-	
Spron_02G0011640-1D	HSP90-1	sodium/hydrogen exchanger 6	29326,68	23	473403	438032	455699	447021	382498	438240	527297	565394	517998	455711	425286	563896	0,2172273	0,010196686	0,001005304	-0,11	0,24	-0,35	UNCHANGED	UNCHANGED	-	
Spron_05G0027810-3D	HSP90-1	heat shock protein 81-1	4287,14	27	142083	123726	116474	154855	141214	157002	111608	155773	164907	127427	151024	144096	0,060204827	0,410403283	0,7045535	0,25	0,18	0,07	UNCHANGED	UNCHANGED	-	
Spron_02G0011960-3C	HSP90-2	Heat shock protein 90-2	41489,50	40	114516	1072477	958423	1182233	1069636	1120013	1043774	1200328	1171186	1048472	1129961	1138429	0,255115109	0,230348842	0,815480925	0,10	0,12	-0,02	UNCHANGED	UNCHANGED	-	
Spron_02G0011980-1A	HSP90-2	Heat shock protein Hsp90	25994,54	14	70168	66576	70765	84727	75726	78936	92651	73989	69497	69170	79797	78862	0,0224842	0,244698706	0,906524773	0,21	0,19	0,02	UNCHANGED	UNCHANGED	-	
Spron_06G00095-1A	HSP90-5	Heat shock protein 90-5 chloroplastic	2419,91	19	38740	41792	43441	39329	42466	38369	32653	34656	39156	41324	40655	35491	0,784727976	0,069423066	0,12360527	-0,02	-0,22	0,20	UNCHANGED	UNCHANGED	-	
Spron_02G001240-2C	HSP90-5	heat shock protein 90-5, chloroplastic	2408,99	22	25412	29487	29400	31552	32241	31704	34121	33944	40171	28103	31833	36079	0,051695766	0,03191107	0,107695744	0,18	0,36	-0,18	UNCHANGED	UNCHANGED	-	
Spron_02G004450-1B	HSP90-6	Heat shock protein 90-6 mitochondrial	2195,46	31	51324	58917	52024	57878	54620	51783	71483	56400	54056	54760	61926	0,33522312	0,37447681	0,254887838	0,02	0,20	-0,18	UNCHANGED	UNCHANGED			

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Acesso	Ontólogos de Arabopásis	Descrição	Controle_TO												Teste_T												Log2FoldChange		Acumulo_diferencial	
			max score	peptides	Controle_TO_1	Controle_TO_2	Controle_TO_3	AgNO3_0,5_TO_0	AgNO3_0,5_TO_1	AgNO3_0,5_TO_2	AgNO3_0,5_TO_3	AgNO3_5_TO_0	AgNO3_5_TO_1	AgNO3_5_TO_2	AgNO3_5_TO_3	AVERAGE_Controle_TO	AVERAGE_AgNO3_0,5_T_0	AVERAGE_AgNO3_5_T_0	AVERAGE_AgNO3_0,5_TO_Co_nitrole_TO	Average_AgNO3_0,5_TO_AgNO3_5_TO	Average_AgNO3_5_TO_Controle_TO	Average_AgNO3_5_TO_Contrrole_TO	Average_AgNO3_5_TO_0	Average_AgNO3_5_TO_Controle_TO	Average_AgNO3_5_TO_Contrrole_TO	Average_AgNO3_5_TO_AgNO3_5_TO	Clusters_TO			
Spon.07G020550-2C	KOSA1	2-dehydro-3-deoxphosphoacetate aldolase	832,53	3	10027	9988	13389	12479	13685	10781	19815	10705	14975	11134	12315	15165	0,448763759	0,21393236	0,36606248	0,15	0,45	-0,30	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Spon.05G013010-1A	KING1	SNF1-related protein kinase regulatory subunit gamma-1	882,00	7	25164	22007	24372	36397	25306	33485	18861	31178	30498	23848	31729	26845	0,084533605	0,05098071	0,400491587	0,41	0,17	0,24	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Spon.07G029540-1A	KPNB1	Importin subunit beta-1	1785,70	16	79896	81197	82528	92631	77412	102221	67598	93057	97210	81207	90755	85955	0,258938116	0,63613455	0,703607723	0,16	0,08	0,08	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Spon.05G007860-1A	LA1-2	La protein 1	542,81	3	31231	25215	18289	39272	29185	31730	26334	33061	24999	24912	33396	28131	0,152656018	0,513425869	0,250861171	0,42	0,18	0,25	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Spon.05G020530-1A	LACSB	Long chain acyl-CoA synthetase 8	927,75	9	36925	37546	35395	47467	44125	45052	38278	48099	47390	36622	45548	44589	0,001656732	0,06973214	0,786746916	0,31	0,28	0,03	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Spon.07G019210-3D	LACSB	long chain acyl-CoA synthetase 5, chloroplastic-like	260,36	2	21569	5460	7418	12010	7961	9786	47668	8054	20129	11462	9919	25284	0,782211924	0,40276867	0,261241901	-0,21	1,14	-1,35	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Spon.04G001610-1T	LAP1	Leucine aminopeptidase 2 chloroplastic	33270,11	30	421254	392182	388415	383491	425614	456383	422892	437894	400617	402565	439056	0,09545040	0,053635574	0,080394669	0,01	0,13	-0,13	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Spon.04G000160-2C	LAP1	Leucine aminopeptidase 2 chloroplastic	33192,88	33	91196	84902	84087	78014	81085	86583	98991	86728	81894	92924	0,224256209	0,161220297	0,006444161	-0,08	0,19	-0,28	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-						
Spon.04G001610-1A	LAP1	Leucine aminopeptidase 2 chloroplastic	3171,86	31	108994	101472	100497	90845	94422	100824	94561	8762	90730	103654	95364	90971	0,104760725	0,19367327	0,28270008	-0,12	-0,19	0,07	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Spon.04G011910-2D	LAP1	leucine aminopeptidase 2, chloroplastic	651,11	2	13614	15958	13414	7647	13138	12647	0	12420	13383	14329	11144	12902	0,175151626	0,261641778	0,613746862	-0,36	-0,15	-0,21	UNCHANGED	-	-	-				
Spon.05G003340-1A	LARPB	la-related protein 6B	372,22	2	4972	6762	2955	5423	4141	702	3657	5831	0	4896	5531	4744	0,669687168	0,440426262	0,27963501	0,18	-0,05	0,22	UNCHANGED	-	-	-				
Spon.04G007470-1A	LECKK42	L-type lectin-domain containing receptor kinase ST1-like	7086,35	17	88094	88837	90529	110509	88782	115536	62020	104724	84950	89153	106942	83898	0,122676546	0,69259012	0,20703006	0,26	-0,09	0,35	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Spon.07G006170-1A	LETM2	LETM1-like protein	647,90	4	11313	14010	9172	16151	15580	11206	27336	15872	16054	11498	14312	19754	0,25080888	0,110630961	0,255157123	0,32	0,78	-0,46	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Spon.07G030990-1A	LGDH1	L-galactose dehydrogenase	1174,87	4	34538	43629	31981	30104	31762	33340	33294	30019	28359	36716	31735	3057	0,24755346	0,182191441	0,531967009	-0,21	-0,26	0,05	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Spon.01G038980-1B	LF2	RNA-binding (RBM/RBD/RNP motifs) family protein	843,99	4	80679	72544	79088	70726	82691	65344	37594	78642	86078	77437	72920	67438	0,472366625	0,548577892	0,74797835	-0,09	-0,20	0,11	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Spon.05G001270-1A	LF2	RNA-binding (RBM/RBD/RNP motifs) family protein	352,90	3	19079	24097	18688	32031	29192	26571	19330	20901	33310	20621	29264	24514	0,021212724	0,458663038	0,368792761	0,51	0,25	0,26	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Spon.01G062120-1D	LKHAA	leukotriene A4 hydrolase homolog	9906,18	28	243808	240852	247222	241559	202820	252124	197013	217087	256502	243961	23167	224074	0,415768	0,31874124	0,96714961	-0,13	-0,12	-0,01	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Spon.01G031190-1A	LKHAA	leukotriene A4 hydrolase homolog	8439,34	29	109052	93280	95318	88634	81661	88830	10272	104024	121793	99216	86375	109030	0,07928793	0,293241645	0,02721451	-0,20	0,14	-0,34	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Spon.07G047700-1B	LOS1	Elongation factor 2	32947,57	55	826571	856697	871775	954108	878878	945387	891168	895120	873445	85165	92548	886578	0,056706143	0,078732474	0,19394004	0,12	0,06	0,06	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Spon.04G019180-2C	LOX2	lipoxigenase	471,78	2	3965	5843	6440	3427	0	4687	6285	3205	4730	5416	4057	4740	0,162666149	0,591445781	0,287161851	-0,42	-0,19	-0,22	UNCHANGED	-	-	-				
Spon.07G012490-2C	LPD1	dihydroxyaldehyde dehydrogenase	1147,38	7	40328	42578	41877	39039	38525	29751	29343	30685	34048	41595	33771	31359	0,04160379	0,002718473	0,454589365	-0,30	-0,41	0,11	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Spon.03G019460-3C	LPD1-2	Dihydroxyaldehyde dehydrogenase 1, mitochondrial	9777,93	24	139974	147133	153652	143568	137349	130255	149641	156702	215049	146920	132524	173797	0,110498224	0,212698673	0,1777303	-0,15	0,24	-0,39	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Spon.03G019460-1A	LPD1-2	Dihydroxyaldehyde dehydrogenase 1, mitochondrial	9411,49	23	129902	136456	142596	135435	132484	139307	118063	121539	166794	141733	134799	0,498012462	0,296966292	0,7018824	0,06	-0,02	0,07	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Spon.05G010620-1A	LSM1B	small nuclear ribonucleoprotein LSM1	220,50	3	21686	35398	29574	23013	26150	21870	23819	27910	28886	23678	26440	280159707	0,509185249	0,206498846	-0,29	-0,13	-0,16	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Spon.06G019170-1A	LSM2	sm-like protein LSM2	4679,38	3	102617	92107	87611	58409	80831	67945	17906	52684	84117	94112	69062	51569	0,033473228	0,096128872	0,43526062	-0,45	-0,87	0,42	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Spon.03G029230-1P	LSM3B	Sm-like protein lsm3b	4800,77	3	41839	48663	45441	52331	63761	42167	73348	66857	44953	45314	52753	61680	0,318971182	0,136335179	0,447165344	0,22	0,44	-0,23	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Spon.05G022720-2D	LSM7	LSM7-like	4840,72	5	52542	68184	52831	62674	57449	52516	53204	54528	53840	57852	57546	53857	0,961363542	0,483610574	0,28031598	-0,01	-0,10	0,10	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Spon.06G006040-3C	LTA2	long-chain polyunsaturated fatty acid desaturase component 4 of pyruvate dehydrogenase complex chloroplastic	2165,64	6	49656	54236	54189	51166	56977	46619	61416	47674	45658	52694	51587	51886	0,758449316	0,879778055	0,96025184	-0,03	-0,02	-0,01	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Spon.06G006040-1P	LTA2	acyl-CoA:acyl-CoA acyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex	1435,83	3	22818	35014	21203	30329	23658	32376	38535	35332	20193	26352	28788	31354	0,657757018	0,522509554	0,70193874	0,13	0,25	-0,12	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Spon.01G030730-1A	LTA3	Dihydroxyaldehyde acetyltransferase component 1 of pyruvate dehydrogenase complex mitochondrial	1309,87	7	28391	27162	21473	22066	21981	24636	27097	26597	25675	22894	25939	0,29533461	0,92115599	0,09900365	-0,17	0,01	-0,18	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Spon.03G008540-2B	LYM2	chitin elicitor-binding protein	2433,40	3	114971	127947	126556	93283	82126	87822	95936	141972	131470	121858	87744	132126	0,002334882	0,39421287	0,06856874	-0,47	0,01	-0,49	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Spon.07G018540-2B	LYSA1	Diaminopimelate decarboxylase 2 chloroplastic	3906,57	12	174530	148475	183450	152370	177904	143350	113603	130761	190314	168818	157875	144893	0,498946154	0,401282111	0,6367704	-0,10	-0,22	0,12	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Spon.07G018540-1A	LYSA2	Diaminopimelate decarboxylase 2 chloroplastic	280,16	4	5392	5654	5907	3912	7740	4665	7060	8193	10170	5651	5489	8474	0,86638582	0,037432754	0,10967445	-0,06	0,58	-0,64	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Spon.06G011600-1A	MAB16,20	peptidase 59 domain-containing protein	2198,65	10	34323	37526	40893	37646	32877	38361	21428	35631	36954	37483	36295	31338	0,663989099	0,21149902	0,39264996	-0,05	-0,26	0,21	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-</				

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Acesso	Ontólogos de Arabopásis	Descrição	Controle_T0												Teste_T												Log2FoldChange				ACUMULADO diferencial			
			max score	peptides	Controle_T0	Controle_T0	AgNO3_0,5_T0	Controle_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T0	AVERAGE AgNO3_0,5_T0	AVERAGE AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T0																
Sip005G008290-2B	MLS	Malate synthase, glyoxosomal	7136,40	21	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-	-	-			
Sip005G010210-1P	MMDH1	malate dehydrogenase, mitochondrial-like	60917,05	19	429554	462266	441748	39845	447016	437822	265045	423552	450811	444523	427228	379803	0,394279146	0,332077053	0,473052115	-0,06	-0,23	0,17	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-			
Sip005G010210-3C	MMDH2	malate dehydrogenase, mitochondrial	4257,66	16	139471	141342	135202	13395	138527	139179	101846	145282	153982	138672	137234	133703	0,587484217	0,747745541	0,838282526	-0,02	-0,05	0,04	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-			
Sip005G010210-1A	MMDH2	malate dehydrogenase, mitochondrial	41668,46	16	6805	63220	65027	60096	67835	76429	45267	79084	78534	65434	68120	67628	0,614419959	0,855144305	0,969826762	0,06	0,05	0,01	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-			
Sip005G016230-1A	MMT1	methionine S-methyltransferase	332,42	2	18907	12083	18645	24048	21020	24445	14450	21507	24368	16545	23171	20108	0,057535156	0,389704868	0,384529734	0,49	0,28	0,20	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-			
Sip005G005180-4D	MNF13.1	RNA-binding (RBM/RBD/RNP motifs) family protein	8653,05	11	110248	110636	123883	116724	95625	99428	84873	108566	116126	114922	103926	101388	0,235810287	0,232371126	0,95168464	-0,15	0,01	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-				
Sip005G017630-1A	MO1	Enoyl-acyl-carrier-protein reductase NADH chloroplastic	1447,47	3	58606	61056	96838	74729	52380	52876	12416	46565	46495	72167	59955	35159	0,445161777	0,09252276	0,140747418	-0,27	-1,04	0,77	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-			
Sip005G021200-1B	MO1	enoyl-acyl-carrier-protein reductase NADH 2, chloroplastic-like isoform X	1081,26	5	35761	32172	35982	36156	34728	33189	28220	28627	2905	34638	34691	28617	0,973668916	0,002373957	0,008672778	0,00	-0,28	0,28	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-			
Sip005G016210-1A	MORF1	predicted protein	3703,31	8	92499	105832	101448	82931	71074	229774	99927	80427	80796	0,53204717	0,561528428	0,99898154	-0,31	-0,01	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-			
Sip005G016880-1A	MORF2	multiple organelar RNA editing factor 2, chloroplastic-like	1241,30	4	27265	26970	28683	33713	33281	28503	25010	28951	24753	27639	31832	26238	0,074767887	0,390772657	0,060607358	0,20	-0,08	0,28	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-			
Sip005G016880-2B	MORF5	multiple organelar RNA editing factor 2, chloroplastic-like	1580,13	4	3025	33317	32814	25958	27627	25117	32219	36799	33618	32219	26234	34212	0,006148764	0,282029121	0,006651583	-0,30	0,09	-0,38	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-			
Sip005G023430-2D	MORF5	multiple organelar RNA editing factor 2, chloroplastic-like	461,06	2	981580	1017646	767668	894658	643495	72721	562162	835916	92298	524862	475100	0,210044441	0,48108934	0,89329055	-0,81	-0,96	0,14	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-				
Sip005G042320-3C	MORF8	DAG protein	3217,41	8	383147	458290	675265	492958	450862	492951	633252	476712	505567	518965	534305	0,89892879	0,382319104	0,04	0,08	-0,04	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-					
Sip005G004240-1P	MORF8	DAG protein	1916,80	8	140723	146129	166520	155408	119930	11118	54742	141329	140313	151124	128886	112135	0,227441085	0,260234242	0,62528666	-0,23	-0,43	0,20	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-			
Sip005G011700-2B	MORF9	multiple organelar RNA editing factor 9, chloroplastic-like	988,85	3	22683	13001	22609	28413	24716	24094	0	30191	34676	19431	25741	32433	0,144558017	0,856350156	0,726434014	0,41	0,74	-0,33	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-		
Sip005G000200-2D	MPA1	purinyl-sensitive aminopeptidase	8193,38	37	117668	119232	118131	120214	100832	117783	85943	104818	106135	118344	112776	98965	0,425330169	0,041406895	0,201349524	-0,07	-0,26	0,19	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-			
Sip005G000150-1A	MPA2.10	2-oxoglutarate dehydrogenase, mitochondrial-like	2505,28	28	116143	97734	121776	127175	114661	114442	77134	121139	125589	11884	118759	107954	0,458620566	0,282925823	0,537121999	0,09	-0,05	0,14	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-			
Sip005G012790-4D	MPA2.10	2-oxoglutarate dehydrogenase E1 component	593,84	18	40167	46270	51341	47776	52204	48747	35719	46101	52501	49526	47673	44773	0,398402002	0,427585208	0,10	-0,04	0,14	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-				
Sip005G000530-3C	MPA2.11	Putative serine peptidase S28 family protein	778,72	3	47887	46686	42759	32095	36636	38640	35801	36703	32859	45777	35790	36021	0,015780919	0,006564282	0,613076368	-0,36	-0,31	-0,04	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-			
Sip005G013460-1A	MPK4	salt-induced MAP kinase 1	1040,90	4	29988	31122	30189	25380	28047	28737	23301	20121	27548	30436	27721	23657	0,025462374	0,035837537	0,146779186	-0,13	-0,36	0,23	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-			
Sip005G018670-3P	MPK9	Mitogen-activated protein kinase 17	345,28	2	0	0	0	0	3956	19077	0	0	35264	0	0	11516	35264	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-				
Sip005G022790-2B	MPPalp1	mitochondrial-processing peptidase alpha subunit	7472,74	27	60911	61800	63106	74532	70168	72707	50887	64734	60266	61939	72469	58629	0,001749979	0,467732811	0,031681811	0,23	-0,08	0,31	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-			
Sip005G022790-1A	MPPalp1	mitochondrial-processing peptidase alpha subunit	7357,39	26	62336	65332	64582	66754	63766	70198	61969	83611	73263	64083	72948	243368581	0,233017365	0,406530337	0,06	0,19	-0,12	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-				
Sip005G030830-1A	MPPalp2	mitochondrial-processing peptidase subunit alpha-like	3131,62	18	76540	75531	83646	73739	72084	73374	72281	78304	69025	78572	73065	73023	0,101766678	0,223424285	0,962626603	-0,10	-0,10	0,00	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-			
Sip005G006110-1A	MPPbeta	Pepidase beta subunit	8717,42	28	255228	221760	253806	231728	23751	23042	195653	232384	247082	243598	231507	252059	0,311663426	0,379359946	0,694499492	-0,07	-0,11	0,04	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-			
Sip005G002660-1A	MPT3	Mitochondrial phosphate carrier protein 3, mitochondrial	9810,02	13	18416	18766	227026	19788	190762	193857	184970	164863	203572	190696	194802	184468	0,781493945	0,463297525	0,41916462	-0,03	-0,11	0,08	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-			
Sip005G013410-2B	MPT3	mitochondrial phosphate carrier protein 3, mitochondrial-like	991,94	3	18435	26517	23580	17267	15148	17306	23257	30317	60339	22844	16574	37971	0,063877886	0,262575096	0,133508707	-0,46	0,73	-1,20	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-			
Sip005G007110-1A	MQD22.17	ATP synthase subunit delta-, mitochondrial	5168,61	7	186397	177396	180756	185602	200980	196935	130100	258127	23523	181516	194505	207850	0,07034827	0,541614315	0,753620302	0,10	0,20	-0,10	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-			
Sip005G000720-1P	MQJ2.6	cinn Cys-CoA reductase 1	1230,37	2	37165	21687	40240	24670	48841	31575	18770	33189	36089	33031	35029	29349	0,838687417	0,663557918	0,567022174	-0,08	-0,17	0,06	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-			
Sip005G017930-2B	MQK4.27	Monocopper oxidase-like protein 90S	9449,35	12	53742	61769	57552	40144	41306	44039	42761	53626	51820	41830	57687	49402	0,103202766	0,11232812	0,101379216	-0,46	-0,22	-0,24	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-			
Sip005G021450-2B	MRF1	MAJ UMINA UNI AIN NO KANNA IUN REGULATOR 1-like	5677,86	41	110852	127143	119333	161936	118257	134560	116704	158022	14307	119109	138251	139345	0,231587617	0,193842401	0,95334085	0,22	0,23	-0,01	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-			
Sip005G021450-1A	MRF1	MAJ3 D NO MICO N TAINING TRANSLATION REGULATOR																																

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Acesso	Ontologia de Arquitetura	Descrição	Controle_T0												Teste_T												ACUMULADO DIFERENCIAS										
			max score	peptides	Controle_T0	Controle_T0	Controle_T0	AgN03_0.5_TO	AgN03_0.5_TO	AgN03_0.5_TO	AgN03_0.5_TO	AgN03_0.5_TO	AVERAGE_Controle_T0	AVERAGE_AgN03_0.5_TO	AVERAGE_AgN03_0.5_TO	AVERAGE_AgN03_0.5_TO	AVERAGE_AgN03_0.5_TO	AgN03_0.5_TOCo	AgN03_0.5_TOCo	AgN03_0.5_TOCo	AgN03_0.5_TOCo	AgN03_0.5_TOCo	Log2Fold Change														
Spgn_0100405680-1B	MSI	MSI type nucleo ecm/choratin assembly factor C	1038.83	5	19367	19490	15073	15788	15657	17327	14109	19802	19755	17977	16258	17889	0.329033774	0.972255242	0.453024788	-0.15	-0.01	-0.14	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn_0360007870-1A	MSK	WD-40 repeat-containing protein MS4	8337.07	17	266738	2659422	272065	239553	253104	217441	65300	240705	279906	269408	235499	195304	0.031175601	0.324341108	0.579675451	-0.19	-0.46	0.27	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn_0460013480-2C	MSL1.11	splicing factor 3B subunit 1-like	596.32	15	36084	37952	4187	38113	36611	34127	48222	37114	46376	38024	36284	43904	0.318340793	0.240294039	0.10360871	-0.09	0.18	-0.28	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn_0660019200-2D	MSL1.9	NADH:quinone reductase-like	1206.41	6	39555	40064	38255	26774	31475	31271	33318	42136	39291	34677	35575	0.466658294	0.332905356	0.898592989	-0.18	-0.14	0.04	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		
Spgn_0660004530-1A	MSL1.9	NADH:quinone reductase-like	1193.29	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-				
Spgn_020034520-1D	MTE17.25	cell wall protein IFB-like	7449.40	10	256025	234602	248083	272439	273281	264564	213408	257076	294699	246236	270095	255061	0.025181278	0.734929667	0.559570967	0.13	0.05	0.08	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn_020034520-1B	MTE17.25	cell wall protein IFB-like	7114.94	11	69596	59341	61313	42679	41008	47868	48528	53706	55054	63417	43851	52429	0.006498126	0.041762225	0.04027082	-0.53	-0.27	-0.26	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn_0100404140-1B	MTHFR2	brown midrib2	1059.00	12	37472	38774	38165	39262	39271	43366	48657	37424	34980	38137	40633	40354	0.153062783	0.627765859	0.952777825	0.09	0.08	0.01	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn_020037880-1B	MTO12.21	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 9	1185.80	4	28932	20136	12751	11491	25658	22094	32266	25232	31504	20606	19718	29698	0.894795884	0.153176639	0.104599132	-0.06	0.03	-0.59	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn_0760014470-3C	MUF9.2	exonuclease V, chaperon-like isoform X2	2105.28	2	0	3036	2009	1064	1940	1914	0	1600	1607	2523	1639	1604	0.56612454	0.587286996	0.40065535	-0.62	-0.65	0.03	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-			
Spgn_0200041130-1A	MUL8.9	Sarcoplasmic reticulum membrane protein	1086.45	4	27945	31631	32543	32571	30329	32361	16796	30390	30681	30706	31753	29586	0.54295092	0.377604722	0.2792405	0.05	-0.24	0.29	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn_010020380-1A	MWC20.6	Betaine aldehyde dehydrogenase 2 mitochondrial	2526.52	5	43577	56981	60221	45210	45777	38703	33851	55139	40129	53939	43230	43040	0.136701025	0.263263402	0.978750918	-0.31	-0.32	0.01	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn_0100402100-1B	MXC20.6	Betaine aldehyde dehydrogenase 2 mitochondrial	2222.21	4	19582	28218	27600	31512	21560	18695	30528	30248	18758	25133	23922	26511	0.812351276	0.78712289	0.6616719492	-0.07	0.08	-0.15	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn_0860015370-3D	MYH19.60	Putative translation elongation factor family protein	1676.18	2	41905	75457	43471	48013	57859	47955	95886	50854	51768	53624	51276	66169	0.847216482	0.533939434	0.383229795	-0.06	0.30	-0.37	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn_010003140-3C	MYH9.9	Splicing factor CCL-like	612.15	3	15488	14353	14742	16127	13754	14899	14710	13737	14861	14927	14194	0.746409017	0.107561155	0.27460917	0.01	-0.07	0.07	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		
Spgn_0100001440-1D	MYH9.9	Splicing factor CCL-like	297.42	2	7329	6762	5683	5685	3741	6943	8332	6591	5741	6339	0.154952646	0.686460204	0.683247292	-0.20	-0.06	-0.14	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-			
Spgn_0360041730-1C	NAIA15	acetyltransferase-like protein	659.16	8	38733	37071	36260	40645	27156	38345	42921	41604	40215	37355	35382	41580	0.665159964	0.016724328	0.217495988	-0.08	0.15	-0.23	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn_020007160-1A	NAD-ME1	Malic enzyme	678.32	5	24491	23520	28711	24771	24960	22300	31293	28781	26675	25574	24010	28916	0.436173109	0.18123577	0.036455277	-0.09	0.18	-0.27	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn_03000750-2B	NADP-ME1	probable glutamate carboxypeptidase LAMP1	7410.65	24	40134	44662	40816	37095	42130	41831	31372	38908	46124	41870	40352	38802	0.195924408	0.511508747	0.75104581	-0.05	-0.11	0.06	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn_0360006680-2D	NADP-ME1	NADP-dependent malic enzyme-like	5291.62	16	50753	55590	54916	31475	50942	41042	28864	46135	54990	35735	41153	33330	0.096345262	0.253343069	0.83017878	-0.39	-0.31	-0.07	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn_0360007410-1A	NADP-ME2	NADP-dependent malic enzyme	1546.75	15	43444	46209	42588	29630	37397	34043	9745	27314	35380	43970	33657	24313	0.014768002	0.064920428	0.308042525	-0.39	-0.05	0.47	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn_0760001420-1D	NADP-ME3	Malic enzyme	10044.13	22	143975	130589	122413	213165	158830	185383	112656	179325	158090	132326	185793	150024	0.0340519	0.439590529	0.46538967	0.02809071	0.09	0.18	-0.31	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Spgn_010047290-1B	NADP-ME4	NADP-dependent malic enzyme 3	4133.35	12	52098	50373	51970	44960	48737	55028	56740	58169	53578	51481	49575	56829	0.5838606	0.036244537	0.09705058	-0.05	0.14	-0.20	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn_0760001200-1A	NAP1.1	Nucleosome assembly protein 1	2376.89	12	24124	27084	28778	22944	19109	24878	19991	28159	23484	26662	22310	23878	0.115839435	0.365419329	0.618791986	-0.26	-0.16	-0.10	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn_0860014990-2B	NAP1.2	Nucleosome assembly protein 1	4750.06	12	178836	164138	171063	185009	180537	177021	168385	194098	185733	171345	180856	182739	0.120509363	0.296160877	0.82370388	0.08	0.09	-0.01	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn_0860014990-3D	NAP1.2	Nucleosome assembly protein 1	4639.19	11	61631	56684	55944	57384	54906	43333	49952	47802	59288	46095	47029	0.11713051	0.027104571	0.012014361	-0.08	-0.33	0.25	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		
Spgn_0760001200-1B	NAP1.2	Nucleosome assembly protein 1	2522.02	14	58623	65842	70504	89869	82430	107316	72891	102774	85649	96238	87103	0.018093342	0.076633132	0.46538967	0.057	0.04	0.14	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		
Spgn_0200071310-1D	NDK1	Nucleotide diphosphate kinase family protein	27894.29	9	399726	382380	398849	504773	533921	536355	313017	521318	464305	393652	523016	432880	0.000347652	0.563717796	0.217270702	0.42	0.14	0.28	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn_0100142110-1A	NDK1	Identification and characterization of the first plant G-quadruplex binding protein e coded by the Zea mays L.	15902.15	7	533609	528487	501387	526655	506206	513194	512771	487954	482353	521161	515352	494359	0.644466192	0.12177582	0.131750672	-0.02	-0.08	0.06	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn_0160603130-1P	NFD2	protein NUCLEAR FUSION DEFECTIVE 2-like	1371.08	4	10740	7762	5883	4798	14632	5096	7256	5376	6398	8128	8175	6343	0.990025711	0.303886056	0.605725744	0.01	-0.36	0.37	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn_0160603130-1D	NFD2	RNA binding protein	1245.94	3	10161	10878	10997	7950	14650	6665	7281	10379	9868	7658	0.78470650	0.531311492	-0.10	-0.40	0.30	-0.40	-0.40	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		
Spgn_0760016160-1P	NFYB	nuclear factor Y subunit B-6	1831.18	2	53416	47203	50325	50533	50666	44660	53634	52793	50385	50415	48553	53847	0.21155804	0.311908193	0.158961655	-0.05	0.10	-0.15	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn_0460004480-3C	NFYB	nuclear transcription factor Y subunit B-6	912.80	2	39797	42367	38811</td																														

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Acesso	Ondições de Análise/Pré	Descrição	Controle_T0												Teste T												ACUMULADO DIFERENCIAL			
			max score	peptídeos	Controle_T0	Controle_T0	Controle_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_5_T0	AgNO3_5_T0	Controle_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_5_T0	AVERAGE Controle_T0	AVERAGE AgNO3_0,5_T0	AVERAGE AgNO3_5_T0	AgNO3_0,5_T0/Co role_T0	AgNO3_5_T0/Co role_T0	AgNO3_0,5_T0/Corr role_T0	AgNO3_5_T0/Corr role_T0	AgNO3_0,5_T0/Corr role_T0	AgNO3_5_T0/Corr role_T0	Clusters_T0					
Spron_02G0003140-1A	PAA2-2	proteasome subunit alpha type 6	1012,41	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-			
Spron_04G0007750-1P	PAB1-2	proteasome subunit alpha type-2	9242,90	6	208757	151787	154414	173197	171249	165411	130658	165124	182667	171652	169952	159483	0,931987563	0,639387517	0,535284319	-0,01	-0,11	0,09	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Spron_02G0009620-1P	PAB2	Polypeptidyl-tRNA hydrolase	1105,154	32	331276	323101	328670	336714	324810	356962	315440	373459	380188	327682	339495	356363	0,289782	0,23030156	0,498641864	0,05	0,12	-0,07	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Spron_05G0007530-1A	PAB2	poly(A)-binding protein 2	410,08	25	216299	240123	230797	137693	205193	169481	123432	151210	184414	229073	170789	153319	0,047987119	0,016102891	0,54246839	-0,42	-0,58	0,16	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Spron_01G0005530-1C	PAB2-2	proteasome subunit alpha type isoform XI	4685,77	5	252011	265081	244001	259118	240455	273697	151581	288590	260575	253998	257576	233882	0,758112983	0,654509412	0,60507431	0,02	-0,12	0,14	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Spron_08G0011450-2B	PABN3	poly(A)-binding protein 2	1770,47	5	34990	45037	43739	45510	33982	39090	35138	40648	36850	41235	39527	37545	0,729519517	0,359470308	0,62153385	-0,06	-0,14	0,07	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Spron_08G0011450-1P	PABN3	poly(A)-binding protein 2	1024,54	7	22845	23976	19782	16845	16231	17924	18665	19180	1901	2201	17000	18955	0,018124445	0,061820442	0,019516076	-0,39	-0,23	-0,16	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Spron_08G0011780-1A	PAC1	proteasome subunit alpha type 6	11869,70	11	269796	295819	271938	217385	257181	239943	166433	239184	282640	279184	238170	229419	0,048551012	0,227142286	0,818936459	-0,23	-0,28	0,05	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Spron_06G0003910-1P	PAD2	Proteasome subunit alpha type 6	9458,29	10	152474	178682	172193	161674	150827	141830	118424	122739	137630	167783	151277	126264	165866755	0,012727788	0,307718253	-0,15	-0,41	0,26	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Spron_06G0003910-1A	PAD2	proteasome subunit alpha type-7A	8782,19	11	77578	84435	86383	88543	79669	80466	59764	64800	72379	82799	82883	65648	0,981867623	0,019143921	0,020454072	0,00	-0,33	0,34	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Spron_01G0003910-1A	PAE1-2	proteasome subunit alpha type 5	1793,97	7	79945	89317	93279	98391	79900	92908	63069	87856	76252	87513	90400	75726	0,691394253	0,222666861	0,179047733	0,05	-0,21	0,26	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Spron_06G0017150-1A	PAE1-2	proteasome subunit alpha type 5	1562,40	13	200939	19327	181739	181825	181201	187774	188413	198276	200347	192001	183600	195679	0,231585744	0,6116391	0,046328602	-0,06	0,03	-0,09	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Spron_01G0003910-1A	PAE2-2	proteasome subunit alpha type 5	1218,84	10	9576	9014	8266	10056	10015	10380	1087	11214	11331	8885	10150	10877	0,021714967	0,01709344	0,153454842	0,19	0,29	-0,10	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Spron_04G0029110-1B	PAF1	proteasome subunit alpha type 1	8530,36	17	205518	218733	220770	207066	203106	181554	148511	171027	195447	215007	194547	171662	0,127401969	0,303913956	0,178594998	-0,12	-0,32	0,20	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Spron_02G0003230-1A	PAG1	proteasome subunit alpha type 3	6980,44	17	221787	221427	213082	224769	227974	221056	212150	213208	205432	221349	215471	0,401173786	0,579392013	0,370243288	0,11	0,07	0,04	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Spron_01G0004170-1B	PANX4	Phytanoyl-CoA dioxygenase	2870,46	3	47690	61993	102545	79782	65159	53181	72988	75979	48489	72779	66041	65818	0,756081826	0,751374079	0,985663208	-0,14	-0,15	0,00	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Spron_02G004310-1B	PAPD2	purple acid phosphatase precursor	2591,22	6	44086	53551	68121	61684	115268	94977	54377	58532	43645	55236	90643	52185	0,107420425	0,731480195	0,076941466	0,71	-0,08	0,80	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Spron_05G0025490-1B	PAP2	Ox09g0133600	705,18	2	21361	20827	19164	23159	24550	24945	27134	29030	30224	20451	24218	28796	0,011630795	0,001174402	0,012073229	0,24	0,49	-0,25	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Spron_08G0005110-1A	PAP26	acid phosphatase precursor	1084,33	4	30342	33805	25281	26726	31296	27094	18943	22665	26957	29809	28372	22855	0,643554923	0,109454261	0,114363533	-0,07	-0,38	0,31	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Spron_05G0013340-2D	PAPP27	putative inactive purple acid phosphatase 27	681,91	4	22873	21549	26032	22402	26931	23309	26466	19034	18847	23485	24214	21449	0,723345731	0,513116904	0,38925075	0,04	-0,13	0,17	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Spron_07G0005520-2C	PAPP5	serine/threonine-protein phosphatase 5	1234,94	3	17889	13723	9944	24089	18329	19693	24737	18994	18521	13852	20704	20751	0,579085059	0,085388399	0,986671182	0,58	0,58	0,00	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Spron_07G0007390-1A	PATL3	patatin-3-like	3813,39	21	70733	63086	63882	56394	62166	72454	41735	57608	56318	65900	63671	51887	0,694999233	0,076845158	0,164061317	-0,05	-0,34	0,30	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Spron_07G0007390-4D	PATL5	patatin-1	3333,25	21	163340	162283	172484	136094	18048	152460	88129	109501	139556	160336	156234	112395	0,500758893	0,024571155	0,088987454	-0,09	-0,56	0,48	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Spron_08G0015870-1A	PBA1	Proteasome subunit beta type-6	13986,55	15	231551	258436	273895	221813	215170	227203	199795	188246	214678	254961	221528	200906	0,060236435	0,020760969	0,069108888	-0,20	-0,34	0,14	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Spron_08G0024390-1B	PBB1	proteasome subunit beta type-7A-like	1410,54	5	67092	89088	79513	37262	63621	69231	67712	59029	64048	78564	56705	63596	0,135916826	0,09409192	0,353525332	-0,47	-0,30	-0,17	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Spron_02G0006660-1A	PBB2	proteasome subunit beta type-7A precursor	1533,85	3	46548	37230	30568	85566	57416	48816	66454	49888	47427	38115	63932	54753	0,895359955	0,096512291	0,509266684	0,75	0,52	0,22	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Spron_01G0024210-1A	PBD1	Proteasome subunit beta type-2	1106,03	14	413665	388771	362721	385702	373291	375641	344066	379401	391110	383866	378211	371526	0,539718188	0,455207733	0,61616955	-0,04	-0,06	0,03	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Spron_08G0014730-1P	PBE1	Proteasome subunit beta type 6	7463,94	14	119919	132886	144551	150805	140017	129445	97952	101807	115235	132286	140089	104998	0,453662119	0,036583518	0,012279499	0,08	-0,33	0,42	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Spron_02G0015910-1A	PBF1	Proteasome subunit beta type 1	10234,41	14	329020	356724	335259	284603	300334	308468	354431	305861	314508	340334	297701	324933	0,017474756	0,019564012	0,1744075	-0,19	-0,07	-0,13	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Spron_06G0002660-1A	PBF1	Proteasome subunit beta-type-1	4018,89	15	23748	23813	22644	21190	20251	20897	47613	26811	23638	23402	20779	32687	0,05040356	0,284937839	0,188652525	-0,17	0,48	-0,65	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Spron_01G0037420-3D	POKA	phosphoenolpyruvate carboxykinase (ATP)	471,04	2	60323	59332	49828	62592	59536	63716	60709	67577	62585	64948	61948	63624	0,20148866	0,143539484	0,035357899	0,13	0,17	-0,04	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Spron_04G0001390-2C	PNA2	proliferating cell nuclear antigen	24679,81	16	680925	664655	646865	621434	59220	58706	550214	669251	664715	599687	629381	0,014080222	0,438392815	0,514007777	-0,15	-0,08	-0,07	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Spron_07G0005790-2D	PDC1	pyruvate decarboxylase 1	12425,73	28	21985	21616	19399	20125	18152	19171	19436	28593	27902	21000	19149	25310	0,134407453	0,230809933	0,109108932	-0,13	0,27	-0,40	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Spron_02G00064300-1P	PDC1	pyruvate decarboxylase 2-like	11316,14	11	107329	90466	85089	117072	89393	105882	65270	79616	91699	94295	104116	78862	0,401117151	0,203394329	0,085038461	0,14	-0,26	0,40	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Spron_01G005330-1P	PDC2	pyruvate decarboxylase	24633,08	35	655069	649741	649660	904339	738237	844427	844399	809821	752648	651490	829001	802289	0,021721691	0,049174674	0,65510764	0,35	0,30	0,05	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Spron_03G0012200-1A	PDC2	pyruvate decarboxylase	3191,19	16	167581	156112	154834	84539	185794	98467	118609	115971	127731	159509	122933	120770	0,316073734	0,001994083	0,94179689	-0,38	-0,40	0,03	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Spron_03G0015920-1A	PGD4	Pyruvate decarboxylase 4	7347,01	22	191904	180499	229615	318165	106253	119759	206243	190694	191023	204434	172232	0,338477474	0,10	-0,15	0,25	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-						
Spron_07G001390-2D	PDC81	PLASMODE MATE CALLOSE-BINDING PROTEIN 2	9627,20	3	165376	164410	159347	129531	128218	120405	81310	123614	142080	163044	126051	115668	0,000408437	0,058810207												

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Acesso	Ortologos de Analogs	Descrição	Controle_T0										Teste T										Log2Fold Change		ACUMULADO diferencial				
			max score	peptides	Controle_T0	Controle_T0	Controle_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_5_T0	AgNO3_5_T0	AVERAGE Controle_T0	AVERAGE AgNO3_0,5_T0	AVERAGE AgNO3_5_T0	AgNO3_0,5_T0Co_nrole_T0	AgNO3_5_T0Co_nrole_T0	AgNO3_0,5_T0Ag_Nox_5,5_T0	AgNO3_5_T0Co_nrole_T0	AgNO3_5_T0Co_nrole_T0	AgNO3_5_T0Co_nrole_T0	AgNO3_5_T0Co_nrole_T0	Clusters_T0						
Sipon_0400201200-1A	PDL1-4	protein disulfide isomerase3	2978,88	7	35289	33005	41071	37796	34738	46670	62073	35826	37390	36455	39735	48895/2096	0,383380817	0,592202119	0,12	0,11	-0,18	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_03G0014720-3P	POIL2-1	protein disulfide isomerase7	5401,70	15	100928	108242	113676	113547	106532	111983	126593	110803	106837	107616	110681	114744	0,511705343	0,370635229	0,559789911	0,04	0,09	-0,05	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Sipon_03G0014720-1P	POIL2-1	protein disulfide isomerase-like 2-1	4869,32	17	22093	23650	24723	33024	31705	33182	32850	28753	27724	23488	32637	29776	0,000517813	0,0225174532	0,154891186	0,47	0,34	0,13	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Sipon_03G0014720-3C	POIL2-1	protein disulfide isomerase-like 2-2	3156,54	14	55198	56716	57439	60416	57415	63356	75662	65462	62220	56451	60396	67781	0,098383061	0,050792221	0,168407897	0,10	0,26	-0,17	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Sipon_03G0014720-1A	POIL2-1	protein disulfide isomerase-like 2-2	2434,90	15	57945	57329	56681	75353	68221	68675	78750	83356	71781	70749	77962	0,004522647	0,0081563462	0,15168041	0,30	0,44	-0,14	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_02G0013570-1A	POIL2-2	protein disulfide isomerase-like 2-3	2184,94	14	70621	70824	74079	66497	71423	70459	41913	59262	74813	71841	69460	58663	0,273554865	0,240442459	0,324561436	-0,05	-0,29	0,34	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Sipon_05G0011120-1A	POIL5-2	protein disulfide isomerase10	579,60	2	23943	27163	24881	20872	24932	27657	17252	25914	26611	25239	24487	0,7020282902	0,548018119	0,750091089	-0,05	-0,12	0,07	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_02G0023110-1A	PDX13	Pyridoxal 5'-phosphate synthase-like subunit PDX12	5563,31	11	20995	214099	207454	238716	215163	233116	244134	217114	226084	210493	228998	229111	0,065851298	0,08512454	0,992072132	0,12	0,12	0,00	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Sipon_04G0030660-1P	PED1	3-ketothiol-CoA thiolase 2, peroxisomal-like	18154,78	23	344459	343869	362110	341942	351680	370834	291013	322997	348121	350146	356319	320710	0,580058167	0,169729799	0,126738464	0,03	-0,13	0,15	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Sipon_01G0014190-1A	PEP	nucleic acid binding protein	1718,87	17	91692	94311	96187	77399	75285	81659	72657	90610	90265	94063	78114	90841	0,002208314	0,077250363	0,301365058	-0,27	-0,05	-0,22	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Sipon_02G0013420-1B	PER1	1-Cys peroxidase n PERL	3272,29	6	70807	63132	72806	43268	10462	34445	63977	55174	80377	68915	60692	66416	0,77962692	0,784470414	0,817224048	-0,18	-0,05	-0,13	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Sipon_08G0002660-2B	PER16	Peroxidase 16	3152,05	13	44707	47399	44035	69484	58003	74224	82265	62680	47753	45381	67237	64233	0,01143709	0,137792549	0,79992051	0,57	0,50	0,07	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Sipon_08G0003660-4D	PER16	Peroxidase 16	2471,92	13	17040	17439	17175	23480	19392	21812	17800	14883	11301	17218	21561	14645	0,021909873	0,24361361238	0,035765338	0,32	-0,23	0,56	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Sipon_02G0012860-1A	PER17	peroxidase 17	23601,49	22	534440	500023	442781	557395	451644	588719	422168	568639	493892	492414	535753	495233	0,04062033	0,059779794	0,518665497	0,12	0,01	0,11	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Sipon_07G0013950-1A	PER8	Peroxidase 8	5054,46	14	62202	67675	64380	90321	79346	64109	76109	80194	46829	64753	77926	67710	0,165034040	0,79456933	0,4749074	0,27	0,06	0,20	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Sipon_07G0013950-2C	PER8	Peroxidase 8	3383,84	7	10132	9091	7359	13869	10405	9726	14414	9659	8921	11333	12185	0,12882019	0,114496458	0,674791875	0,35	0,45	-0,10	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_02G0021920-2C	PER8	Peroxidase 8	119,34	5	53547	54922	41496	36376	26709	38522	77203	59010	37331	49988	33869	57848	0,045163513	0,557238946	0,11826684	-0,06	0,21	-0,77	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Sipon_07G0023940-1C	PER8	peroxidase 8-like	936,85	5	11872	18332	12007	24105	14015	11569	22406	25989	10058	14037	16563	19351	0,594451584	0,36291898	0,671144559	0,24	0,46	-0,22	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Sipon_03G0014150-1B	PER30	peroxidase 1 precursor	3272,85	12	26346	25531	26185	19463	20938	20883	17624	17258	22314	26020	20428	19065	0,005091923	0,013439903	0,467185761	-0,35	-0,45	0,10	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Sipon_01G0010500-4P	PER39	peroxidase 2-like	795,70	2	40651	0	13178	30078	34576	30523	47968	31272	15958	26914	31726	31733	0,316837414	0,413547628	0,994444261	0,24	0,24	-0,00	-	-	-	UNCHANGED			
Sipon_04G0011700-2D	PER47	peroxidase 2-like	4308,18	10	123406	12219	103285	178692	179393	97931	202632	91974	90946	11603	151988	128514	0,268643746	0,761785933	0,63575992	0,39	0,14	0,24	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Sipon_01G0015050-1A	PER49	peroxidase 2	750,32	3	13727	9224	6355	18575	19925	9107	32371	14428	8640	9610	15869	15153	0,485185277	0,282856425	0,95147913	0,72	0,69	0,03	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Sipon_04G0014420-2B	PER52	peroxidase 52	30075,24	12	16455	16170	12999	8259	35664	16300	10147	8052	16572	15208	20074	11590	0,585197482	0,2648155	0,37611265	0,40	-0,39	0,79	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Sipon_03G0015050-2P	PER52	peroxidase 64	8794,58	14	165276	196664	168332	173593	151614	203227	175128	127163	118259	176757	176145	140183	0,9744423295	0,145327671	0,95153744	-0,01	-0,33	0,33	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Sipon_07G0015190-2B	PER52	peroxidase 4-like isoform XI	2977,10	4	81427	78487	68092	75314	82254	68221	88033	67421	67307	76020	75263	74377	0,903521536	0,849120083	0,91726762	-0,01	-0,03	0,02	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Sipon_05G0036460-1C	PER52	peroxidase 4-like	985,96	4	37605	19296	21771	8172	22391	18207	37623	20095	25199	26224	16257	27622	0,234141697	0,68572057	0,658740263	-0,09	0,07	-0,76	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Sipon_03G0015050-3C	PER54	peroxidase 2 precursor	10640,28	17	227157	19509	206598	210953	30273	297894	312541	207930	209248	211088	270407	243240	0,12721042	0,41791389	0,583991489	0,36	0,20	0,15	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Sipon_03G0015050-1A	PER54	peroxidase 1 precursor	3757,38	15	47368	35005	53464	25709	45546	39502	38308	35117	33682	45279	36919	35702	0,354840545	0,16240404	0,848970799	-0,29	-0,34	0,05	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Sipon_02G0046820-1C	PER55	Peroxidase 2	1653,83	2	29162	33397	26537	96475	49765	41809	119942	53237	32139	29699	62683	68439	0,127086612	0,218103369	0,863801049	1,08	1,20	-0,13	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Sipon_01G00200200-1A	PER56	peroxidase 27 precursor	2355,56	8	69293	71700	59469	101755	83091	76549	75910	51976	61828	66820	87132	63238	0,073540408	0,673191878	0,080349287	0,38	-0,08	0,46	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Sipon_01G0036820-2D	PER59	peroxidase N-like	2070,55	2	7969	0	0	7899	14886	3772	0	12508	11089	7969	8852	11799	0,856471571	0,15	0,57	-0,41	-	-	-	-					
Sipon_03G0013610-2B	PER72	peroxidase 1	9533,24	11	100794	115448	116471	88515	96926	86185	71768	68597	97241	110904	90542	79202	0,03777541	0,037919785	0,30448891	-0,29	-0,48	0,18	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Sipon_03G0013610-1A	PER72	peroxidase 72	8529,99	25	27482	30638	29448	29976	33056	29325	27264	24233	33399	29189	30786	26795	0,339536151	0,326343586	0,32052192	0,08	-0,12	0,20	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Sipon_03G0043020-1C	PER72	peroxidase 72 precursor	6642,57	6	14969	12659	15695	13880	11987	15667	18009	14027	17233	14441	13818	16423	0,67999266	0,263390025	0,182483235	-0,06	0,19	-0,25	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Sipon_04G0023890-1B	PEX19-1	Peroxisome biogenesis protein 19-1	1270,91	3	24020	12583	20212	14361	13418	17526	22313	14504	14472	18938	15102	17096	0,344749113	0,687407932	0,527894769	-0,33	-0,15	-0,18	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Sipon_04G0031210-2D	PEX14-2	Protein PEROXIN-4	616,83	3	14781	15743	13579	12314	14385	14388	18695	14254	14886	14701	13696	13699	59478	56399	58917	0,679539772	0,794425456	0,868040518	0,09	0,06	0,03	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-
Sipon_04G0031060-1C	PDF1	prefoldin subunit 1	917,25	6	63973	63873	41802	58058	67783	54444	47412	59478	59478	60095	58267	550883	437200	33521	491853	0,402250203	0,020977411	0,07904039	0,14	-0,20	0,35	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-
Sipon_04G0031430-2D	PDF6	Ox02d0246300	1232,63	2	77575	82139	78083	69570	70549	77624	93383	67698	74089	79505	72581	78390	0,070404081	0,893746441	0,514208517	-0,13	-0,02	-0,11	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-			
Sipon_05G0036800-4D	PFK2	ATP-dependent t-phosphotransfuranose kinase 2	1130,31	7	30264	28531	26483	27026	29630	29003	20845	29660	31249	28426	28533	0,29422886	0,7482171												

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Acesso	Ontólogos de Arabopásis	Descrição	Controle_TO												Teste_T												Log2FoldChange		Acumulo_diferencial	
			max score	peptídeos	Controle_TO_1	Controle_TO_2	AgNO3_0,5_TO_0_1	AgNO3_0,5_TO_0_2	AgNO3_0,5_TO_0_3	AgNO3_5_TO_1	AgNO3_5_TO_2	AgNO3_5_TO_3	Controle_TO	AgNO3_0,5_TO	AgNO3_5_TO	AVERAGE_AgNO3_0,5_TO	AVERAGE_AgNO3_5_TO	AVERAGE_AgNO3_0,5_TO_Co_ntrôle_TO	Average_AgNO3_5_TO_Co_ntrôle_TO	Average_AgNO3_0,5_TO_Contrôle_TO	Average_AgNO3_5_TO_Contrôle_TO	Average_AgNO3_0,5_TO_AgNO3_5_TO	Average_AgNO3_5_TO_AgNO3_5_TO	Average_AgNO3_0,5_TO_Co_ntrôle_TO_0	Average_AgNO3_5_TO_Co_ntrôle_TO_0	Average_AgNO3_0,5_TO_Contrôle_TO_0	Average_AgNO3_5_TO_Contrôle_TO_0	Clusters_TO		
Sipon_05G0025140-2C	RAB8B1C	ras-related protein Rab-2A	2031,35	7	47096	38096	40895	39754	29514	39392	31017	34598	32707	42029	36220	32774	0,246310717	0,031569172	0,381835024	-0,21	-0,36	0,14	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_04G009480-1A	RAB8B1C	Ras-related protein in RAB8B1a	2013,92	6	46723	56457	53991	61400	60118	33171	35805	43459	48599	52370	51563	42734	0,93737526	0,14951619	0,425471195	-0,02	-0,29	0,27	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_05G0000040-1A	RABC1	ABC transporter G family member 5	362,22	7	65516	46419	48912	50986	39266	41573	43043	43618	44378	53615	43942	43679	0,238239624	0,173394229	0,94546674	-0,29	-0,30	0,01	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_05G0032750-1C	RABD1	small GTP binding protein ReldA	2483,40	2	55489	89792	31849	93814	94960	84990	40822	73942	80962	59043	91235	65242	0,133176887	0,781380498	0,111649168	0,63	0,14	0,48	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_03G004460-1A	RABO2A	ras-related protein RC1	15187,57	12	144700	130265	118793	94792	122077	106909	108246	138775	118127	131253	107926	121716	0,098742392	0,4601016321	0,31333101	-0,28	-0,11	-0,17	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_04G007070-1A	RABO2A	yp1 homolog4	5843,59	8	106914	88797	72287	66624	100933	66652	100747	91392	88440	89333	80836	93526	0,659283073	0,174224041	0,435961217	-0,14	0,07	-0,21	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_01G0031230-2B	RABE1C	ras-related protein RA3-1	4543,69	5	40921	37399	47795	43892	54474	46173	59683	42476	41349	48179	47836	0,238240999	0,133389213	0,961847941	0,20	0,19	0,01	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sipon_07G0041190-1A	RABG3F	Ras-related protein in RABG3f	2794,31	9	25611	25842	25807	30137	31471	25566	61842	36173	32238	29058	43418	0,138454156	0,29776063	0,203350104	0,17	0,75	-0,58	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sipon_02G007140-2C	RABH1B	ras-related protein RABH1b	2918,14	9	22522	26863	240531	203328	215449	228904	219801	211762	246435	24806	215894	225999	0,120797248	0,317496949	0,474638912	-0,18	-0,12	-0,07	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_02G0003210-1A	RABH1B	ras-related protein RABH1b	2571,16	8	119217	121371	29009	33580	25940	122912	62618	65310	65393	89866	60811	64489	0,541048921	0,451479535	0,911682996	-0,56	-0,48	-0,08	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_01G005050-1A	RABH1E	ras-related protein RABH1b	2453,54	5	20324	8652	10423	13432	13309	10392	10498	11159	12497	13133	12378	11385	0,850825635	0,659458175	0,438216866	-0,09	-0,21	0,12	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_07G002670-1A	RACK1A	guanine nucleotide-binding protein beta subunit-like protein	35574,79	22	714371	756110	73463	694649	670350	676931	511825	594618	73453	74515	680543	613665	0,016687241	0,1194040	0,3634637198	-0,13	-0,28	0,15	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_07G002670-1P	RACK1B	guanine nucleotide-binding protein subunit-like protein A	2497,72	15	19470	23198	22496	24457	19420	20057	17014	20797	20484	21721	21311	19452	0,840431137	0,241417295	0,399264992	-0,03	-0,16	0,13	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_08G0010390-3D	RAD23C	Ubiquitin receptor RAD23c	6886,43	11	113105	117288	116666	129735	108243	135347	105305	126677	137949	114020	124441	123310	0,283994441	0,39331121	0,932996653	0,13	0,11	0,01	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_02G0145930-3D	RAD23C	Ubiquitin receptor RAD23c	1450,44	4	54066	51557	44484	48675	49078	53034	36328	61504	59367	50035	50262	52400	0,946698883	0,795966638	0,806737809	0,01	0,07	-0,06	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_03G0005080-1A	RAD52-1	srhR1-interacting protein 1	2479,64	4	79959	95275	84903	88276	60558	82051	57340	87812	90270	86712	76962	78474	0,364179161	0,513771799	0,91630653	-0,17	-0,14	-0,03	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_03G0010510-3D	RAE1	rae1-like protein	393,72	2	8806	9124	8822	7556	9684	558	0	4765	6761	8917	7610	5763	0,3325288	0,054636392	0,18090972	-0,23	-0,63	0,40	UNCHANGED	-	-	-				
Sipon_08G00261320-1C	RAN1	GTP-binding nuclear protein Ran-3-like	6075,10	4	17346	16761	20904	22833	19082	19362	24343	23432	22655	18337	20426	23476	0,3033745	0,020569168	0,07900404	0,16	0,36	-0,20	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_07G003710-1D	RAN3	GTP-binding nuclear protein Ran-2	9730,23	10	453438	441788	438176	400927	428155	382123	273902	299488	361614	441234	403457	311335	0,044441228	0,007562066	0,035435457	-0,14	-0,51	0,37	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_07G0010660-2B	RANBP1B	ran-binding protein 1	796,17	2	31925	35265	31629	36874	36248	30850	29368	33743	36814	32940	34657	3308	0,485931985	0,387895902	0,66447402	0,07	0,02	0,06	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_01G003790-1B	RANBP1C	ran-binding protein 1	990,29	4	68553	65794	68990	45974	78699	56066	42665	49699	51149	67779	60247	47838	0,481916138	0,002067063	0,283436915	-0,17	-0,50	0,39	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_04G0083550-1A	RANGAP1	RAN GTPase-activating protein 2	1932,01	14	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-				
Sipon_04G0083550-2C	RANGAP1	RAN GTPase-activating protein 2	1921,32	18	133608	128589	134165	158180	117335	144554	68353	134597	131420	131211	140023	111456	0,513401569	0,41487246	0,311621927	0,09	-0,24	0,33	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_03G0028248-1P	RBG2	glycine-rich RNA-binding protein 2	1706,39	7	330134	35232	315235	353059	32666	362442	356026	359549	351014	332560	340605	355529	0,449813197	0,10648991	0,48278161	0,06	0,10	-0,04	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_02G0027100-4D	RGK3	Glycine-rich RNA-binding protein 3 mitochondrial	9023,55	5	388836	380833	383195	447709	420575	379790	189369	423532	424788	384625	416025	346496	0,190097192	0,653017689	0,439101798	0,11	-0,15	0,26	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_02G0045790-1B	RGK7	glycine-rich RNA-binding protein	6300,08	5	213050	197438	172794	191131	213181	168829	281665	208571	194427	191047	202310	0,855071945	0,880343365	0,830878917	-0,03	0,06	-0,08	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sipon_01G0025010-1P	RGK7	glycine-rich RNA-binding protein 2	3993,03	6	113017	108280	94268	98559	106912	90076	89458	90386	97157	105188	98516	92334	0,42032579	0,10977323	0,318615387	-0,09	-0,19	0,09	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_01G0022120-4D	RPB45A	RNA-binding protein L1 isoform XI	642,14	4	33639	29098	25100	36671	28282	26110	42655	29729	30354	33769	804026452	0,514911386	0,633375666	0,05	0,21	-0,15	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-						
Sipon_05G0021320-3D	RPB45B	RNA-binding protein L1 isoform XI	3206,13	8	94030	10424	93275	85994	84785	84060	141995	99391	102121	97276	84946	114502	0,0748384	0,292988612	0,09561342	-0,20	0,34	-0,43	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_05G0001380-1A	RPB45B	Polyadenylate-binding protein RB45C	1678,94	5	29113	33640	35477	34500	26201	32959	29727	29783	37086	32743	31220	31599	0,656255898	0,751205816	0,924904816	-0,07	-0,05	-0,02	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_02G0066630-3D	RPB45B	Polyadenylate-binding protein RB45C	1032,57	3	16026	25438	0	14044	13794	13208	0	14402	19859	20732	13682	17130	0,985902271	0,8128963	0,722269548	-0,60	-0,28	-0,32	-	-	-	-				
Sipon_03G0009530-3D	RSK	ribokinase	2032,62	7	112771	106934	102374	94150	100411	93692	92201	103461	107625	107360	96084	101095	0,038380755	0,318488543	0,380730182	-0,16	-0,09	-0,07	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_05G0021210-1A	RD21B	cysteine protease 1 precursor	32333,90	12	144350	135047	127990	160933	123401	138827	170227	128636	103018	135795	140774	133960	0,6910571	0,931801041	0,770556131	0,05	-0,02	0,07	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_08G0001940-3D	RD21B	erucatin-B	6405,31	12	83786	87318	17293	140984	76631	164315	200106	14367	61255	81320	127310	135576	0,158611993	0,252528021	0,8720219											

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Acesso	Ortólogos de Arabóspis	Descrição	Controle_TO												Teste_T												Log2FoldChange		Acumulo_diferencial	
			max score	peptides	Controle_TO_1	Controle_TO_2	Controle_TO_3	AgNO3_0,5_T	AgNO3_0,5_TO	AgNO3_0,5_T	AgNO3_0,5_TO	AgNO3_0,5_T	AgNO3_0,5_TO	AVERAGE_AgNO3_0,5_T	AVERAGE_AgNO3_0,5_TO	AgNO3_0,5_TO/Ag	AgNO3_0,5_TO/Co	AgNO3_0,5_TO/Controle_TO	AgNO3_0,5_TO/Co	AgNO3_0,5_TO/Ag	Clusters_TO									
Sipon_0G0025380-1A	RPS11C	40S ribosomal protein S11	6277,76	7	20055	182636	183664	253873	208903	241818	234785	262020	230265	188951	234665	242357	0,034985675	0,009687457	0,67694058	0,31	0,36	-0,05	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_0T0001500-2B	RPS12A	40S ribosomal protein S12	18932,58	4	394965	388929	39874	387052	387011	397639	377843	438974	356952	393589	390567	391256	0,518202354	0,29366476	0,979216592	-0,01	-0,01	0,00	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_0T0007140-3C	RPS12C	40S ribosomal protein S12	3198,59	8	396187	371243	346786	336257	378191	330383	243990	370807	353007	371405	348277	322601	0,327177317	0,211122543	0,577506081	-0,09	-0,20	0,11	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_02G0022200-2B	RPS12C	40S ribosomal protein S12	25440,31	4	258214	260674	274469	261937	249054	272398	290144	308995	275010	264453	261130	291383	0,713764524	0,071517775	0,06417055	-0,02	0,14	-0,16	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_0SG0013710-1A	RPS13B	40S ribosomal protein S13	6854,44	7	102057	67329	91398	143777	117514	132682	100017	128055	82338	86928	131324	103470	0,025520184	0,143431234	0,60	0,25	0,34	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sipon_0BG000370-3C	RPS14C	40S ribosomal protein S14	958,26	12	243500	223259	225380	282457	232709	250762	264339	251924	217730	230413	255309	244664	0,193974549	0,4076842	0,625085751	0,15	0,09	0,06	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_03G024840-1A	RPS15AA	40S ribosomal protein S15a	3629,36	5	140128	146325	146658	148511	150461	136182	39617	95830	133490	144370	145051	89646	0,897201988	0,16067338	0,115502243	0,01	-0,09	0,09	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_07G006500-1A	RPS15AA	40S ribosomal protein S15a-1	3416,15	8	160904	174538	166613	170355	161733	180042	200596	184163	162043	170082	170710	182267	0,918740132	0,245785894	0,40263054	0,01	0,10	-0,09	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_01G0048570-1B	RPS15D	40S ribosomal protein S15	20890,60	9	93841	66167	75248	118990	94702	93668	51574	84123	87942	78419	102453	74547	0,07209127	0,97536698	0,120801596	0,39	-0,07	0,06	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_0SG030370-1B	RPS16A	40S ribosomal protein S16	7247,37	13	63826	59245	68282	83727	77636	73399	32963	60412	72744	63784	78254	55373	0,021935034	0,523387904	0,132388217	0,29	-0,20	0,50	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_07G028580-2C	RPS16A	40S ribosomal protein S16	7153,99	7	84528	77711	85161	83095	7708	70378	42237	77408	93209	82467	76884	70591	0,268235314	0,4922630	0,723361714	-0,10	-0,22	0,12	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_0BG012290-1A	RPS17D	40S ribosomal protein S17-4	14266,79	10	304407	304315	311444	320513	290025	285032	197377	207699	314966	307222	298523	240014	0,509601121	0,151275247	0,207990464	-0,04	-0,35	0,31	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_02G00240200-1B	RPS18A	40S ribosomal protein S18	21210,51	12	335139	335096	297068	252769	274918	353504	349369	345181	274318	351732	0,07009754	0,553356191	0,001363851	-0,33	0,03	-0,36	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-						
Sipon_01G0047130-1B	RPS19C	40S ribosomal protein S19	1006,31	11	340752	329884	324266	334942	316276	302695	223401	253981	299990	331634	318061	259124	0,264214448	0,033429798	0,07088712	-0,06	-0,36	0,30	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_0BG016200-1A	RPS20A	40S ribosomal protein S20	7837,61	5	178208	183653	183336	176710	178939	164691	126493	134456	169319	181732	173265	143422	0,143435571	0,046485676	0,097306841	-0,07	-0,34	0,27	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_01G009630-1A	RPS21C	40S ribosomal protein S21	1646,73	4	237440	257183	220602	277614	258023	246562	221204	271408	245024	240228	260733	245879	0,185487891	0,757518733	0,434048201	0,12	0,03	0,08	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_01G0048160-3P	RPS23B	40S ribosomal protein S23	7613,01	4	161283	165521	176129	232932	183521	184618	203496	177482	186153	167674	200357	189044	0,152026929	0,73080832	0,563686808	0,26	0,17	0,08	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_03G007440-1A	RPS24A	40S ribosomal protein S24	14231,94	4	136598	129349	130183	147954	177216	151216	165695	134653	171490	177375	0,042730362	0,943145353	0,810150666	0,35	0,40	-0,05	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-						
Sipon_04G0014730-1A	RPS24A	40S ribosomal protein S24	3101,05	4	45402	44299	48110	67163	48138	56430	57006	45937	57243	50225	0,114667894	0,632899286	0,51732823	0,32	0,13	0,19	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-						
Sipon_0DG0043480-1A	RPS25B	40S ribosomal protein S25-1	6718,63	2	172852	161574	187464	219419	162377	215773	231261	189743	162779	173963	199189	194594	0,2737254	0,38712574	0,873765615	0,20	0,16	0,03	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_07G005730-1A	RPS26C	40S ribosomal protein S26	18646,66	5	303661	255479	251668	350258	272763	313622	285987	296933	285766	270269	312214	289562	0,207753984	0,323141302	0,374481961	0,21	0,10	0,11	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_04G00121270-3D	RPS27B	40S ribosomal protein S27	3659,11	3	372342	396884	393076	307795	339785	267854	140262	424284	317953	387434	305144	294166	0,020593551	0,252030954	0,093094695	-0,34	-0,40	0,05	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_01G0050940-1C	RPS28A	40S ribosomal protein S28	12390,25	7	218607	239658	250601	180372	214124	151986	266669	107454	191704	236109	182161	188609	0,05788343	0,388528688	0,001380562	-0,37	-0,32	-0,05	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_02G0022460-2B	RPS2D	40S ribosomal protein S2-3	9538,10	9	265399	250156	264497	291937	229159	290077	214037	238042	245557	260017	270391	229122	0,653036942	0,041107216	0,14184171	0,06	-0,18	0,24	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_02G0022460-2P	RPS2D	40S ribosomal protein S2-3	6258,56	10	48856	47688	64032	70077	58623	67431	52482	56149	71746	53509	65377	60126	0,133088261	0,450325283	0,485827106	0,29	0,17	0,12	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_04G001250-1A	RPS30A	40S ribosomal protein S30	7978,82	2	84566	85165	53944	109591	99903	102441	75495	113148	105239	74558	103978	97960	0,05151881	0,020615785	0,637570218	0,48	0,39	0,09	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_01G0055120-1A	RPS3AA	40S ribosomal protein S3a	12970,45	21	220204	218142	209744	273732	218039	264898	194682	248751	216030	252103	231708	0,108313956	0,451356357	0,465180105	0,22	0,10	0,12	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sipon_02G0034270-1B	RPS3AB	40S ribosomal protein S3a	6029,42	27	57417	61355	69262	43449	39618	49960	55353	63556	62678	44343	60599	0,016427919	0,291636692	0,014925231	-0,50	-0,04	-0,46	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sipon_05G0010630-2B	RPS3C	40S ribosomal protein S3-3	14464,36	13	574811	625756	625468	569615	55281	546452	463811	478150	531243	608678	566149	490735	0,054740205	0,011636965	0,04062853	-0,13	-0,31	0,18	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_01G0032270-3D	RPS4D	40S ribosomal protein S4	7412,77	16	265231	247123	273421	389847	318045	336594	3265128	370031	330638	261925	35115	321932	0,025067582	0,30_0301861	0,494416781	0,42	0,30	0,13	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_03G0017970-1A	RPSSA	40S ribosomal protein S5	9427,57	12	242713	278964	259918	264302	271953	289945	212895	266989	257997	260531	275400	245960	0,314477651	0,501396553	0,18448292	0,08	-0,08	0,16	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_06G0031650-1C	RPSSA	40S ribosomal protein S5	1978,21	3	45412	45425	38232	31184	25197	29425	28938	70008	41945	43023	28802	46964	0,008427291	0,765695626	0,203082946	-0,59	0,13	-0,72	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_02G0027110-1A	RPSS6B	Ribosomal protein small subunit 6b, embryo defective	8003,43	8	51985	57685	53085	84836	64589	83692	114088	90516	63635	54252	7770	89413	0,026014367	0,074739432	0,504572029	0,52	0,72	-0,20	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED					

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Acesso	Ortólogos de Arabóspis	Descrição	Controle_TO												AgNO3_0,5_TO												Teste_T		Log2FoldChange		ACUMULADO diferencial	
			max score	peptides	Controle_TO 1	Controle_TO 2	Controle_TO 3	AgNO3_0,5_T 0	AgNO3_0,5_T 1	AgNO3_0,5_T 2	AgNO3_0,5_T 3	AgNO3_5_T 0	AgNO3_5_T 1	AgNO3_5_T 2	AgNO3_5_T 3	Controle_TO	AgNO3_0,5_TO	AgNO3_5_TO	AVERAGE AgNO3_0,5_T 0	AVERAGE AgNO3_5_T 0	AVERAGE AgNO3_0,5_TO Co role_TO	AgNO3_0,5_TO Ag NO3_5_TO	AgNO3_0,5_TO Cont role_TO	AgNO3_5_TO Cont role_TO	AgNO3_0,5_TO Co role_TO	AgNO3_5_TO Co role_TO	AgNO3_0,5_TO Ag NO3_5_TO	AgNO3_0,5_TO Ag NO3_5_TO	Teste_T		Log2FoldChange	
Spon.04G0015600-2C	RPT4B	26S protease regulatory subunit 510B homolog B	9054,85	14	140670	145869	144345	145459	130915	144634	124795	135550	150150	143628	140336	136832	0,543405161	0,416526899	0,708642464	-0,03	-0,07	0,04	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.04G0015600-1A	RPT4B	26S protease regulatory subunit 510B homolog B	6568,87	11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		
Spon.04G0011300-1A	RPT5A	26S protease regulatory subunit 6A homolog A	1057,78	22	197101	278699	295026	267625	183110	278609	178807	255911	275167	256942	243114	236628	0,762562093	0,655698978	0,885165897	-0,08	-0,12	0,04	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.04G0015330-1A	RPT6A	26S protease regulatory subunit 8 homolog B	7399,03	37	121796	118166	145911	130610	135376	123507	94616	103615	127385	128624	129831	108539	0,903689483	0,199710989	0,109167606	0,01	-0,24	0,26	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.05G0013300-3C	RRF	Ribosome-recycling factor chloroplastic	1575,61	4	23133	24035	19913	17234	20186	16721	17989	21897	24565	22360	18047	21484	0,059398792	0,720521058	0,192275059	-0,31	-0,06	-0,25	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.04G0019590-4D	RS41	putative arginine/serine-rich splicing factor	2597,30	5	56794	63570	60985	78154	62238	51341	17219	44703	56244	60449	63911	39388	0,68870202	0,474722522	0,155384867	0,08	-0,62	0,70	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.08G0024040-2C	RS41	ATP/GTP-binding protein family	1396,49	21	56137	38728	38017	54289	57864	54209	57576	65642	70110	44294	55454	64503	0,138667081	0,043572275	0,076262369	0,32	0,54	-0,22	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.04G0001310-1A	RS221	Serine/arginine-rich splicing factor RS221	758,91	2	80223	88046	84318	77981	65520	66004	101175	84191	95818	84195	69835	39728	0,036866709	0,580155533	0,02086671	-0,27	0,15	-0,42	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.08G008320-1A	RTNLB2	reticulin	3674,71	3	67011	46692	44552	64177	81832	67925	79465	78364	57581	52752	71311	71803	0,106700443	0,132129093	0,95864988	0,43	0,44	-0,01	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.02G0049650-1C	RUB1	ubiquitin-ND8-like protein RUB1	19725,32	13	414325	507714	478332	583885	513434	542516	595074	646605	645144	466791	546612	628841	0,080625359	0,007431221	0,036174274	0,23	0,43	-0,20	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.01G0031150-2D	R21A	Glycine-rich RNA-binding protein R21A	484,50	5	152827	166359	167579	157629	124942	136639	119537	154006	158240	162255	139737	144061	0,102373993	0,239824959	0,795232993	-0,22	-0,17	-0,04	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.02G0023330-1A	R21C	glycine-rich RNA-binding protein R21C-like	2669,07	6	73030	119532	72439	100699	54078	54011	53166	99975	99779	88334	69596	84307	0,442878173	0,68391054	0,54043223	-0,34	-0,07	-0,28	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.04G0123330-1A	SAD2	Importin beta-like SAD2	338,82	4	31527	30214	40220	27174	34221	42173	26975	31591	29482	33872	33580	0,338453555	0,435360447	0,962679024	0,20	0,19	0,01	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-		
Spon.05G0014320-1A	SAE1A	SUMO-activating enzyme subunit 1A	1864,60	6	44048	52976	40793	42210	44824	34874	28972	40769	48521	40636	39421	0,327705386	0,388911912	0,858982616	-0,18	-0,22	0,04	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-		
Spon.02G008620-1P	SAE2	SUMO-activating enzyme subunit 2	6622,83	21	67630	72041	57188	67928	62208	67424	54958	78907	83134	65620	65853	72333	0,963304054	0,513599066	0,509643604	0,01	0,14	-0,14	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.02G0080820-3C	SAE2	SUMO-activating enzyme subunit 2	3757,43	11	35550	36417	34752	33756	29521	32033	42641	41425	42000	35573	31770	42022	0,044997057	0,000411657	0,00131582	-0,16	0,24	-0,40	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.06G0013840-1A	SARH1	adenosylhomocysteinase	3272,37	32	684746	655139	672863	712367	676692	683995	656595	656738	65219	670916	691018	656557	0,220840796	0,169529827	0,03384037	0,04	-0,03	0,07	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.03G0015040-1A	SAMI	S-adenosylmethionine synthase 1-like isoform X2	7936,56	11	42996	52552	54502	47651	48926	56535	19436	39992	50016	50737	32613	0,87589341	0,08080725	0,021672568	0,02	-0,62	0,64	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-		
Spon.03G0015040-2P	SAM2	S-adenosylmethionine synthase 1-like isoform X2	7344,66	11	27015	25821	29695	41555	34225	40730	34886	35442	34308	27487	38837	34879	0,011579825	0,00133722	0,166130131	0,50	0,34	0,16	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.04G0029160-2C	SAP130B	Cleavage and polyadenylation specific factor (CPSF) A subunit protein	454,46	18	73871	72969	72726	73051	75240	76210	78819	88204	73002	73672	81045	0,510843389	0,095274245	0,120612489	0,01	0,15	-0,14	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-		
Spon.04G0019980-1A	SAP18	histone deacetylase complex subunit SAP18	614,09	2	13886	17097	18153	0	7204	0	0	11925	16378	7204	11925	-	-	-	-	-1,18	-0,46	-0,73	-	-	-	-	-	-	-	-		
Spon.03G0017510-1A	SAR1A	GTP-binding protein SAR1A	14482,57	14	96287	86623	88616	111939	10784	107159	84962	95585	93377	90508	108827	91308	0,005337685	0,863957088	0,008173115	0,27	0,01	0,25	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.02G0032750-2C	SAR1A	GTP-binding protein SAR1A	12974,91	12	69476	62971	63813	54870	72982	53388	52021	66881	65114	65420	60414	61399	0,491706146	0,471088562	0,9075879	-0,11	-0,09	-0,02	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.03G0014760-1A	SAR1A	GTP-binding protein SAR1A	1296,02	12	87638	73363	85987	82942	78785	84437	103689	96874	94986	82329	84988	98253	0,642233689	0,013477711	0,022233556	0,05	0,26	-0,21	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.04G0011110-2P	SBE2.2	Starch branching enzyme IIa	1192,64	2	12588	15818	18043	0	14478	12359	15970	14484	16043	15843	13419	15499	0,243569862	0,997284577	0,222621032	-0,21	0,00	-0,21	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spon.05G0012010-1A	SBE2.2	Starch branching enzyme IIa	669,16	5	19650	22431	18130	20797	21445	21798	16414	22568	26031	20070	21347	21671	0,379331856	0,630727276	0,914104084	0,09	0,11	-0,02	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.04G0021210-1A	SBT1.4	subtilisin-like protease SBT1.4	320,64	2	14032	15925	11457	18811	14337	18617	15374	12203	11061	13805	17255	12879	0,151825589	0,639325454	0,088062462	0,32	-0,10	0,42	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.08G0011680-1A	SCP2	peroxisomal multifunctional enzyme type 2	8979,21	6	15725	187009	174929	130796	175370	138674	109915	123143	156280	173154	148280	129779	0,190704555	0,055651103	0,39564058	-0,22	-0,42	0,19	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.04G0022020-3D	SCP124	Series carboxypeptidase 24	4618,91	13	13990	146398	121268	85518	11039	91971	8105	110400	13180	15586	96176	10828	0,020983436	0,176109554	0,515313433	-0,50	-0,33	-0,17	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.03G0021100-2C	SCP126	Serine carboxypeptidase-like 27	942,56	3	63338	44538	40167	78601	33581	33544	56141	57904	54594	49348	48575	56213	0,961565081	0,326152021	0,638368526	-0,02	0,19	-0,21	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	
Spon.03G0016070-1A	SCP142	serine carboxypeptidase-like 42	3534,43	7	103558	88605	93549	48229	124058	55681	15039	94637	73566	73989	48215	0,550494947	0,098506091	0,339594484	-0,25	-0,97	0,72	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-		

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Acesso	Ontólogos de Arabopásis	Descrição	Controle_TO												Teste_T												Log2FoldChange								
			max score	peptideo	Controle_TO_1	Controle_TO_2	AgNO3_0,5_TO_0_1	AgNO3_0,5_TO_0_2	AgNO3_0,5_TO_0_3	AgNO3_0,5_TO_1	AgNO3_0,5_TO_2	AgNO3_0,5_TO_3	AgNO3_5_TO_0	AgNO3_5_TO_1	AgNO3_5_TO_2	AgNO3_5_TO_3	Controle_TO	AgNO3_0,5_TO	AgNO3_5_TO	AVERAGE_AgNO3_0,5_TO	AVERAGE_AgNO3_5_TO	AVERAGE_AgNO3_0,5_TO_Co_ntrôle_TO	AVERAGE_AgNO3_5_TO_Co_ntrôle_TO	AVERAGE_AgNO3_0,5_TO_Contrôle_TO	AVERAGE_AgNO3_5_TO_Contrôle_TO	AVERAGE_AgNO3_0,5_TO_0	AVERAGE_AgNO3_5_TO_0	AVERAGE_AgNO3_0,5_TO_Co_ntrôle_TO_0	AVERAGE_AgNO3_5_TO_Co_ntrôle_TO_0	AgNO3_0,5_TO_Ag_NO3_5_TO	AgNO3_5_TO_Ag_NO3_5_TO	Clusters_TO			
Spgn.0460019939-3D	T25011.11	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit 1 alpha, 35kDa	1569,77	6	40407	42267	37120	40369	39400	40489	49541	49153	42377	39931	40116	45691	0,910280852	0,088663852	0,05738129	0,01	0,19	-0,19	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn.0360013850-3C	T26B15.8	protein usf-like	13263,49	11	240314	161461	185692	171729	234242	189557	132352	278858	257783	195823	19803	222998	0,932687542	0,6245476	0,645774516	0,02	0,19	-0,17	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn.0360013850-1P	T26B15.8	protein usf-like	4050,36	12	39133	26726	30098	19972	26621	22350	11651	27432	26073	31986	23981	21719	0,097699268	0,176416589	0,827006119	-0,48	-0,56	0,08	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn.0560008909-1P	T26C19.11	3-hydroxyacyl-carrier-protein dehydratase	2484,48	7	72812	101292	73953	83442	83169	69885	45925	76204	85352	82685	78832	69161	0,727993364	0,421592806	0,48961513	-0,07	-0,26	0,19	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn.0160010410-1P	T26J12.12	chaperonin	37557,741	8	283497	309174	268230	280288	211645	245304	249067	291214	289775	286967	245746	276685	0,149429162	0,60313499	0,269497259	-0,22	-0,05	-0,17	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn.0560013850-1B	T26J12.6	transmembrane protein 214-A	1254,57	11	92118	95998	59518	93148	99947	94226	82446	98753	97234	82545	95774	92811	0,323502805	0,46361109	0,625514985	0,21	0,17	0,05	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn.0660011180-1A	T28K15.4	transaldolase-like	2268,51	8	50999	39558	50721	44676	58273	49588	48199	57539	63425	47092	50846	56388	0,53083567	0,1853454	0,404638873	0,11	0,26	-0,15	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn.0360013850-2B	T28P16.12	fructokinase-1	25231,69	32	252067	263094	268676	261133	22568	261259	226931	228670	261279	228518	249220	0,403884723	0,002717916	0,159796504	-0,07	-0,19	0,13	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		
Spgn.0360013850-1A	T28P16.12	fructokinase-1	25179,41	26	333069	335239	315715	383040	324951	368077	364567	367809	377279	32800	358689	0,172136187	0,003656994	0,611120652	0,13	0,17	-0,04	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		
Spgn.08G001400-2B	T29A15.170	ATPase ramify AAA domain-containing protein 1-isoform XI	2756,78	3	0	2466	0	0	0	0	1877	2098	0	2466	0	1988	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		
Spgn.06G002090-1B	T2E22.29	nascent polypeptide-associated complex alpha subunit-like protein	24676,51	9	349026	396782	349347	369793	389041	371026	337280	409928	377038	365052	376620	374749	0,53449305	0,731241731	0,936029742	0,05	0,04	0,01	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Spgn.01G0009760-4D	T2E22.29	Nascent polypeptide-associated complex alpha subunit-like protein	24437,75	8	189079	223058	203295	213180	224276	213891	196420	238727	219574	205144	217116	218240	0,317227273	0,451255951	0,933938282	0,08	0,09	-0,01	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Spgn.036008860-2B	T2K12.9	65-kDa microtubule-associated protein 3	27906,78	39	456501	439951	420862	421273	434846	453272	449987	468998	484673	439104	439464	467866	0,980751861	0,106677349	0,00	0,09	-0,09	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn.036008860-1P	T2K12.9	ATP synthase beta chain	2628,242	33	585517	565055	532667	484470	548212	550703	561062	532377	575327	561080	527452	556255	0,27582501	0,820417795	0,316419987	-0,09	-0,01	-0,08	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn.01G012400-1A	T2P4.5	protein LRPI6	1265,91	7	38158	38523	33116	36366	36113	33343	39195	39314	37667	36599	35274	38725	0,543133388	0,308319249	0,035326059	-0,05	0,08	-0,13	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
Spgn.01G008190-1A	T3QN20.190	argininosuccinate lyase	3421,26	23	84026	81308	78352	76365	77858	84481	61953	75470	92181	81229	79568	76535	0,607457454	0,625584976	0,75540508	-0,03	-0,09	0,06	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn.01G0025080-1A	T3A5.70	acidic leucine-rich nuclear phosphoprotein 32 family member A	6808,50	11	159161	166943	155077	154815	139274	159962	144758	172271	167930	16093	151184	161473	0,263618899	0,911675954	0,382014636	-0,09	0,01	-0,09	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn.02G0057890-1D	T3F17.6	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit I	2233,46	16	154104	145744	132226	130432	128893	125149	88754	96265	103958	144025	126158	96325	0,057264515	0,00351743	0,00374915	-0,19	-0,58	0,39	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn.03G0037600-2B	T3T17.6	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit I	16026,56	12	54230	51284	45095	48955	51733	48259	49216	35173	42576	50203	49649	42325	0,857453272	0,181048467	0,1576386	-0,02	-0,25	0,23	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn.08G001140-2B	T3H13.2	Serine/threonine-protein phosphatase 2A activator 2	599,09	2	29387	20400	19721	25999	23046	31885	17592	34261	15494	23169	26976	22449	0,401061171	0,019613169	0,532352023	0,22	-0,05	0,27	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn.01G045910-1T	T3P18.7	lTGB3	2466,91	4	82129	24993	12327	72603	85937	91502	89143	19493	39816	60532	66713	0,51129479	0,446867203	0,84878909	0,60	0,74	-0,14	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		
Spgn.05G0013460-1P	T4Q13.0	primary amine oxidase	2566,96	15	28178	30161	31487	23261	37504	23689	18696	23919	31980	29942	28155	24865	0,727090581	0,27127435	0,616461808	-0,09	-0,27	0,18	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn.05G0013460-1A	T4Q13.0	primary amine oxidase	2488,97	13	2099	2343	2616	202	2618	1825	2118	2149	3541	2353	2155	2693	0,521462478	0,499158136	0,338116815	-0,13	0,19	-0,32	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn.04G0021730-2C	T4D2.70	Caffeic acid 3-O-methyltransferase	1924,51	9	33550	39581	28903	25461	32547	32675	26407	25619	29317	34011	27228	27114	0,174193929	0,104032693	0,97104368	-0,32	-0,33	0,01	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn.04G0021730-1A	T4D2.70	Caffeic acid 3-O-methyltransferase	1818,34	2	15464	12929	13355	8530	11532	10049	12706	13704	10037	12105	0,04964192	0,22298452	0,121416375	-0,45	-0,18	-0,27	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-			
Spgn.03G0022699-1A	T4L20.30	cotamer subunit gamma	2521,58	21	50806	51833	51084	56535	56618	55889	57143	53112	53398	51241	55855	54551	0,00771313	0,068156929	0,390405405	0,12	0,09	0,03	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn.01G0007789-2D	T4L20.30	Putative Non-clathrin coat protein gamma-like protein	775,45	7	19272	18393	20939	20985	17091	19162	16346	21441	18425	19252	19079	18738	0,89481719	0,75776482	0,862979709	-0,01	-0,04	0,08	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	
Spgn.01G012500-2B	T4M8.5	SPFH/Bnd7/PH domain-containing membrane-associated protein family	384,68	2	22207	10490	22250	23189	26802	11639	34086	12370	24513	18316	20543	0,510542274	0,1079210369	0,162956177	-0,16	-0,29	0,12	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		
Spgn.01G029710-1B	T4O12.22	Thioredoxin superfamily protein	3633,62	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-		
Spgn.03G008920-3C	T4O12.23	Thioredoxin superfamily protein	3409,19	2	43239	49287	49076	47024	48175	49166	38332	88149	79040	47200	48																				

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Acesso	Ortólogos de Arabopásis	Descrição	Controle_T0										AgNO3_0,5_T0										Teste T										Log2FoldChange		Acumulo diferencial	
			max score	peptides	Controle_T0	1	Controle_T0	2	Controle_T0	3	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_5_T0	AgNO3_5_T0	Controle_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_5_T0	AVERAGE AgNO3_0,5_T0	AVERAGE AgNO3_5_T0	AVERAGE AgNO3_0,5_T0	Average AgNO3_5_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_5_T0	Clusters_TO										
Spon.05G019580-3C	TAP46	PP2A regulatory subunit TAP46	362,63	3	8880	10298	13244	11417	7956	12811	12105	12069	10521	10741	10728	11565	0.995254013	0.96242181	0.61456627	0,00	0,11	-0,11	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-				
Spon.04G0230010-1B	TCTP1	translationally-controlled tumor protein	23021,02	12	227089	233876	248223	243210	243922	248027	171362	182511	195988	236396	245053	183287	0.248071681	0,004947261	0,001055722	0,05	-0,37	0,42	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-				
Spon.04G0230010-3C	TCTP1	translationally-controlled tumor protein	15807,54	13	277074	282194	294741	170079	315363	202276	254920	29507	284670	229239	266316	0.27962927	0.357425517	0.47581599	-0,31	-0,10	-0,22	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-					
Spon.04G0033110-1C	TDX	FAM23 family protein	8549,24	20	150516	141478	168849	149224	155406	155561	156145	182997	163240	153614	153397	167461	0.980396534	0.290373867	0,165443462	0,00	0,12	-0,13	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-				
Spon.05G0245170-2C	THA1	L-allo-threonine aldolase	557,72	2	0	5317	6473	8954	10218	7257	8391	10148	7242	5895	8690	8594	0.093237049	0.097494999	0.940222934	0,56	0,54	0,02	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-				
Spon.05G0237480-1B	THFS	formate-tetrahydrofolate ligase	963,97	13	75460	66302	64616	58925	69073	68162	65529	67171	81480	68799	65387	71933	0.505624348	0.619647041	0.374427688	-0,07	0,05	-0,13	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-				
Spon.01G024710-1A	THRRS	Threonine-1RNA ligase mitochondrial	766,57	8	45764	49336	52426	49164	38094	45924	44194	32887	38861	49175	44394	38647	0.277574191	0.4956629	0.282610215	-0,15	-0,35	0,20	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-				
Spon.06G0014140-1A	THY-1	Bifunctional dihydrofolate reductase-thymidylate synthase	1635,91	7	35323	42700	42132	49581	41240	47721	36152	48361	45323	40052	46181	43279	0.151669504	0.501099091	0.50419179	0,21	0,11	0,09	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-				
Spon.05G010910-2B	TC40	translocase TC40	1477,59	2	30263	33018	32762	30884	34686	34725	35114	37742	44383	32014	34032	39079	0.341951968	0,071146501	0.19159389	0,09	0,29	-0,20	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-				
Spon.03G022710-1A	TIF3A1	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit A	1265,13	19	37263	38378	45230	68344	48934	47234	45047	46258	41242	40290	54837	44182	0,113977468	0.252530749	0.199374478	0,44	0,13	0,31	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-				
Spon.01G0149560-1A	TIF3B1	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit B-like	2585,23	25	126831	129443	126428	137783	133119	130600	187720	157474	131828	127567	133834	159007	0.053170106	0.123933912	0.191731413	0,07	0,32	-0,25	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-				
Spon.05G011890-1A	TIF3C1	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit C	1554,65	18	66716	67990	79783	68025	71043	71412	59781	62697	71727	71481	70160	64550	0.773067011	0.266449181	0.192366212	-0,03	-0,15	0,12	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-				
Spon.03G009580-1A	TIF3D1	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit D	2477,71	17	81267	95241	141964	124190	91921	93781	164730	82546	81258	106164	103297	109511	0.898585666	0.924438619	0.84360424	-0,04	0,04	-0,08	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-				
Spon.03G009580-1P	TIF3D1	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit D	588,13	6	10532	8595	10546	11702	11338	10862	11101	9891	11316	10336	0,036635967	0.653110487	0.056207819	0,41	0,06	0,35	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-						
Spon.02G0409590-1B	TIF3E1	Ost07g0167000	3307,34	14	96541	92488	102925	103609	84094	100541	77803	94680	93137	97318	96081	88540	0.864071815	0.228778942	0.404915132	-0,02	-0,14	0,12	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-				
Spon.07G001290-2D	TIF3F1	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit F	2615,19	12	114277	115093	113979	112041	91154	118076	98280	97135	108703	114450	107090	101373	0.418294508	0.024034807	0.557581947	-0,10	-0,18	0,08	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-				
Spon.05G0113290-1A	TIF3H1	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit H	2875,29	13	63764	68117	60045	64932	58094	60759	101866	75356	61478	63975	61262	79566	0.42615441	0.266159506	0.20225917	-0,06	0,31	-0,38	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-				
Spon.01G0045690-1A	TIF3K1	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit K	2197,22	11	77572	75527	72101	79582	70504	75734	100973	82456	77418	75067	75273	86949	0.949674419	0.180648021	0.200667509	0,00	0,21	-0,21	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-				
Spon.04G018470-1P	TIF4A-2	eukaryotic initiation factor 4A	2008,11	30	54546	53079	552195	569111	531454	526655	548212	601176	592841	542800	560433	582946	0.436210166	0.06190766	0.399373446	0,05	0,10	-0,06	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-				
Spon.02G009210-2B	TM	Triosephosphate isomerase, chloroplastic	9210,64	19	121422	130668	115386	130148	120046	125079	136309	139846	138397	124294	125091	138184	0.650442425	0.262675641	0.01331708	0,03	0,17	-0,14	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-				
Spon.02G009210-2A	TM	Triosephosphate isomerase, chloroplastic	8699,74	17	183084	197024	173983	152313	140491	146380	155640	159679	158024	184697	146895	157781	0,007012305	0.016717384	0.034338119	-0,34	-0,23	-0,11	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-				
Spon.02G033790-1P	TIM44-2	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit TIM44-2	575,09	6	32734	36987	42434	46591	36432	42251	32040	34384	39522	37385	41758	35316	0.342839565	0.593415144	0.154905405	0,16	-0,08	0,24	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-				
Spon.01G000200-2B	TIM9	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit TIM9	2148,27	3	15187	16890	16963	17273	17504	14806	16218	16162	16790	16346	16516	17207	0.378138821	0.045410233	0.571081218	0,01	0,07	-0,06	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-				
Spon.02G029130-1T	TIM9	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit TIM9	1521,18	3	24972	33861	32959	28037	28020	14217	13492	24546	22691	30376	23424	20243	0.261497445	0.080725551	0.608568744	-0,37	-0,09	0,21	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-				
Spon.08G016210-2A	TKL-1	transketolase, chloroplast	5748,29	27	142321	130719	129929	139533	152125	147797	155372	129348	140641	132344	146425	141187	0.097506702	0.373232186	0.54549264	0,15	0,09	0,05	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-				
Spon.01G0134740-1A	TKL-2	transketolase, chloroplast-like	603,08	3	30665	31814	46919	53324	37099	36103	37761	35951	36988	36466	42175	36780	0.497173331	0.955462692	0.391220984	0,21	0,01	0,20	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-				
Spon.01G027230-2C	TMK1	Receptor-like kinase TMK2	403,63	3	33222	30619	52967	26381	31500	28395	37434	26644	30814	38936	28759	31631	0.230980815	0.39774179	0.455151169	-0,44	-0,30	-0,14	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-				
Spon.04G001460-1A	TMN11	transmembrane 9 superfamily member 11-like	1430,44	10	44459	48037	53763	59941	48042	55432	53031	49618	47902	53083	48753	54471	59616	0.263689218	0.30502803	0.616604095	0,16	0,29	-0,13	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-			
Spon.08G0007110-3C	TMNT	transmembrane 9 superfamily member 7	419,04	2	22430	24249	29086	29316	25227	28448	10291	25382	21808	25255	27663	19160	0.362104743	0.28713549	0.145970644	0,13	-0,40	0,53	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-	-	-	-	-	-	-				
Spon.01G036990-1B	TCS4	translocase of outer membrane of chloroplast35	1809,94	6	103817	119347	147875	153585	127030	128630	147165	140465	135515	123680	136415	141048	0.457543922	0.62715935	0.6422761	0,14	0,19	-0,05	UNCHANGED	UNCHANGED												

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Acesso	Ontólogos de Arabopásis	Descrição	Controle_T0												Teste_T												Log2FoldChange		ACUMULADO diferencial	
			max score	peptides	Controle_T0_1	Controle_T0_2	Controle_T0_3	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T1	AgNO3_0,5_T2	AgNO3_5_T0	AgNO3_5_T1	AgNO3_5_T2	Controle_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T1	AgNO3_0,5_T2	Controle_T0	AgNO3_0,5_T0	AgNO3_0,5_T1	AgNO3_0,5_T2	AgNO3_5_T0	AgNO3_5_T1	AgNO3_5_T2	AgNO3_0,5_T0Co	AgNO3_0,5_T1Co	AgNO3_0,5_T2Co	AgNO3_5_T0Co	AgNO3_5_T1Co	AgNO3_5_T2Co
Sipon_02G0023380-1A	TRP1	tryptophan synthase alpha	4152,86	12	66024	64740	72558	53045	80736	53828	61672	61462	75673	67774	62536	66269	60778955	0,79010615	0,74505823	-0,12	-0,03	-0,08	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_01G0030300-1A	TRQ2	thioredoxin H-type 5	4678,76	8	83343	89492	101684	78767	102345	87395	113412	95328	90138	91506	89502	99626	0,829974787	0,412123215	0,362511547	-0,03	0,12	-0,15	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_02G0009910-2B	TRQ3	hypothetical protein B0A96_09201700	2105,263	15	11106	8781	8723	13746	13290	10931	7350	12476	10658	9537	12656	10162	0,05652096	0,730766856	0,224112215	0,41	0,09	0,32	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_02G0023770-1A	TRQ4	Thioredoxin H-type	1967,59	11	349986	374460	346536	366947	332738	360571	405796	372181	337354	356994	353419	371777	0,806949498	0,531773811	0,458050874	-0,01	0,06	-0,07	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_07G000910-1A	TRX5	Thioredoxin H-type	23553,85	11	375042	371912	351217	407317	406948	389973	376780	421282	423735	366057	401413	407266	0,019839722	0,072354018	0,737631698	0,13	0,15	-0,02	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_03G0008460-2C	TS1	threonine synthase	2084,47	15	48629	49163	53015	52532	53755	32823	39067	68416	50359	53101	46768	0,144161202	0,761970631	0,594998485	0,08	-0,11	0,18	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sipon_07G0002850-3C	TS1	Threonine synthase, chloroplastic	1366,21	10	18884	21555	27996	18210	16416	21054	4992	13872	25796	22812	18560	14887	0,232322243	0,296463918	0,584020052	-0,30	-0,62	0,32	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_01G0021490-1D	TS41-2	Tryptophan synthase alpha chain chloroplastic	412,40	2	5627	9759	10516	8123	6588	7211	0	10884	8240	8634	7307	9562	0,449184888	0,656570706	0,791947211	-0,24	0,15	-0,39	UNCHANGED	-	-	-				
Sipon_06G0011870-1A	TS82	Tryptophan synthase beta chain 2, chloroplastic	1163,77	6	31005	35435	37805	43975	42952	41828	43464	53620	52882	34748	42918	49989	0,01732339	0,016391207	0,10078764	0,30	0,52	-0,22	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_04G0011110-3C	TSN1	TUDOR-SN protein 1	2689,98	41	22954	194567	168429	178822	191159	186256	149494	166962	176883	197550	185412	164446	0,539116343	0,164141575	0,075172542	-0,09	-0,26	0,17	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_04G0011110-1A	TSN1	TUDOR-SN protein 1	230,54	34	70625	59835	51797	44539	47612	46390	50525	56429	59782	60752	46180	55579	0,057798762	0,4433906	0,0299798	-0,40	-0,13	-0,27	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_01G0011480-1A	TT1-2	uric acid degradation bifunctional protein TT1-like isoform XI	739,83	3	12667	20884	13466	18759	17198	17038	0	16134	17560	15672	17665	16847	0,497489237	0,513916052	0,31984043	0,17	0,10	0,07	UNCHANGED	-	-	-				
Sipon_02G0004590-1A	TUBA3	alpha tubulin	17731,84	23	227902	218464	215602	198088	188322	204329	166762	203925	220560	198913	191419	0,085731240	0,698161857	-0,16	-0,21	0,04	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-						
Sipon_01G0027360-1A	TUB44	tubulin alpha chain	2408,35	25	567542	561420	528864	519496	531049	515308	52507	531345	528682	528530828	0,754842118	-0,07	-0,05	-0,02	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-								
Sipon_01G0029070-1A	TUB46	tubulin alpha chain	19548,46	24	301001	301101	297827	298331	265396	300773	320855	332258	314835	299977	288167	322649	0,360907146	0,012267114	0,050909926	-0,06	0,11	-0,16	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_08G00118850-2C	TUB83	tubulin beta-7 chain	3891,19	30	221102	231104	211123	201811	203260	209636	238684	228405	221606	221777	204902	229565	0,067934963	0,388803464	0,011061952	-0,11	0,05	-0,16	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_03G0016270-1A	TUB86	tubulin beta-5 chain	37480,62	29	428100	422235	449413	419001	414850	426527	325555	407689	367744	43249	421026	366673	0,21590539	0,50680075	0,084731833	-0,04	-0,24	0,20	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_07G0007950-2B	TUB86	tubulin beta-5 chain	1983,28	18	9626	9593	9527	8046	8435	8686	9724	8536	8154	0,024182116	0,079348555	0,629697464	-0,19	-0,25	0,07	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-							
Sipon_04G0017510-1A	TUB88	tubulin beta chain	4086,75	28	176571	179492	167958	173246	180467	183159	175820	170055	171103	176640	176345	0,361714692	0,048230543	0,94093672	0,05	0,04	0,00	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sipon_04G0009980-1A	TUFA	elongation factor Tu	2797,13	17	96688	87175	97517	67545	80680	75028	63536	74313	85515	93793	74418	74455	0,018482102	0,054042635	0,996271578	-0,33	-0,33	0,00	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_01G0032950-2P	TUFA2	elongation factor Tu, mitochondrial	20470,01	26	260700	271230	265803	286650	231012	263038	270770	258113	262175	265911	260233	263686	0,746740896	0,6679029	0,844931597	-0,03	-0,01	-0,02	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_05G0010530-1A	TWN2	Valine-tRNA ligase mitochondrial 1	1338,38	13	23232	29440	22394	34477	29480	31515	28238	26544	25022	31824	29232	0,024520861	0,237310801	0,340406871	0,35	0,22	0,12	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-					
Sipon_06G0034230-1D	TWN2	Valine-tRNA ligase mitochondrial 1	1335,52	12	36904	39759	37766	39800	36008	37577	37790	37439	35524	38143	37995	36918	0,81413905	0,327716832	0,634865311	-0,01	-0,05	0,09	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_07G0012600-1A	U1A	U1 small nuclear ribonucleoprotein A'	615,87	2	33914	30175	31118	43100	34068	31408	31147	34114	30564	31755	37866	31941	0,104401572	0,040932835	0,112284341	0,25	0,01	0,25	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_01G0032980-1A	U2A	U2 small nuclear ribonucleoprotein A'	2883,94	10	397634	437841	379543	624317	522022	622263	664411	568568	501403	405006	589534	578128	0,008228938	0,026314102	0,853958803	0,54	0,51	0,03	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_07G0021680-1B	U2AF35A	splicing factor U2af 38 kDa subunit	1138,33	3	40932	36704	36711	57517	43515	38783	23135	42495	52518	38116	46605	39383	0,216985451	0,891738888	0,521695982	0,29	0,05	0,24	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_07G0001749-1T	U2AF5A	Splicing factor U2af large subunit A	2396,24	8	9049	9866	11557	13290	10111	13624	13211	11690	13976	10157	12342	12966	0,178695283	0,048298888	0,657781188	0,28	0,35	-0,07	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_06G0027350-2C	U2AF5B	mRNA splicing factor 1	3197,15	7	39642	43220	46522	38763	45291	41226	38687	44780	43526	41564	0,821592685	0,474218745	-0,047261745	-0,03	-0,10	0,07	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-						
Sipon_07G0023790-1B	UBA1	ubiquitin-activating enzyme E1 2	6685,34	46	293697	296844	281123	303412	280568	308277	218191	303596	310301	292328	297552	276696	0,493069532	0,572422768	0,532173181	0,04	-0,07	0,10	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_02G000460-2B	UBA2	ubiquitin-activating enzyme E1 3 isoform X2	1194,80	14	53300	56051	56047	61124	51529	64400	16452	56239	61524	55132	58928	44738	0,402194232	0,506309248	0,39974171	0,10	-0,30	0,40	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_03G0017040-2B	UBA2A	UBP1-associated protein 2A	533,29	3	34091	31263	33440	28458	28727	26508	31867	30149	30540	32932	27898	30852	0,010361484	0,106282853	0,027509845	-0,24	-0,09	-0,15	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_05G0023650-2C	UBA2B	UBP1-associated protein 2A	1243,12	5	57341	60714	55060	52888	48224	51684	54704	57767	59289	57705	50932	57253	0,034832017	0,841975664	0,031230753	-0,18	-0,01	-0,17	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_05G00111349-2B	UBA2C	UBP1-associated protein 2C	6361,76	19	175114	18837	191106	152781	146879	144538	165845	170522	178090	184852	140866	171486	0,002616691	0,093146816	0,005655729	-0,32	-0,11	-0,21	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	-				
Sipon_03G000370-1A	UBC11	ubiquitin-conjugating enzyme E2-like isoform XI	1240,81	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-					
Sipon_02G0039110-1P	UBC11	ubiquitin-conjugating enzyme E2-like isoform XII	4659,96	4	102651																									

Tabela Suplementar 1 – Cont.

Acesso	Ortologos de Anelidópodes	Descrição	Centroline_T0										Teste T										Log2Fold Change		ACUMULADO diferencial		
			Centroline_T0		Centroline_T0		Centroline_T0		AgNO3_0,5_T0		AgNO3_0,5_T0		AgNO3_0,5_T0		AgNO3_0,5_T0		Centroline_T0		AgNO3_0,5_T0		AgNO3_0,5_T0		Centroline_T0		Teste T		
			max score	peptídeos	Centroline_T0	Centroline_T0	Centroline_T0	Centroline_T0	AgNO3_0,5_T0	AVERAGE Centroline_T0	AVERAGE AgNO3_0,5_T0	AVERAGE AgNO3_0,5_T0	AVERAGE AgNO3_0,5_T0	AVERAGE AgNO3_0,5_T0	Centroline_T0	Centroline_T0	Centroline_T0	Centroline_T0									
Sgpon.05G000705-1A	UCH	Ubiquitin carboxy-terminal hydrolase 3	1011,57	4	28157	38671	27424	36846	33071	28541	34544	32854	29228	30764	32819	32422	0,5185056554	0,682269762	0,53056264	0,09	0,07	0,03	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Sgpon.05G0026170-1B	UCR1-1	Cytochrome b-c1 complex subunit Rieske, mitochondrial	2555,11	5	29967	31099	3192	29827	27055	31080	25591	24692	28991	30996	29320	26425	0,277331334	0,032748085	0,176863848	-0,08	-0,23	0,15	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Sgpon.04G0011390-2B	UCR1-1	Cytochrome b-c1 complex subunit Rieske, mitochondrial	2095,72	5	13237	12995	11920	10598	11177	10022	11366	10574	12445	12718	10599	11462	0,015599857	0,13719248	0,246812501	-0,26	-0,15	-0,11	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Sgpon.04G0013370-1A	UEV1C	ubiquitin-conjugating enzyme ipm2	1976,33	3	81299	105443	97628	75584	84977	84324	55146	61572	72525	69740	81628	62990	0,163849284	0,021574626	0,033098519	-0,22	-0,59	0,37	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Sgpon.01G0000505-1A	UGD	UDP-glucose 6-dehydrogenase 4-like	9724,01	22	125689	124753	157375	124660	128221	123785	127602	125731	132431	134725	135555	128588	0,039736707	0,516389865	0,27722097	-0,10	-0,07	-0,03	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Sgpon.01G0021150-2B	UGD	UDP-glucose 6-dehydrogenase	6217,00	19	19325	14636	20229	21171	20369	15572	26333	20756	21155	18084	19037	22748	0,7126301	0,138811116	0,212852111	0,08	0,33	-0,26	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Sgpon.01G0021150-1A	UGD	UDP-glucose 6-dehydrogenase	5098,09	19	9391	4150	8574	7080	8616	5945	7100	5734	6506	7372	7214	6447	0,934372285	0,610105617	0,427157027	-0,03	-0,19	0,16	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Sgpon.02G0009750-1A	UGE3	bifunctional UDP-glucosidase 4-epimerase and UDP-xyllose 4-epimerase 1-like	349,69	3	20348	16464	21298	14444	17164	18186	23426	17287	19054	19370	16598	19922	0,209035543	0,825504536	0,195144264	-0,22	0,04	-0,26	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Sgpon.02G008310-2B	UGP1	UDP-glucose pyrophosphorylase	23460,27	33	638856	626515	623797	659883	648195	727484	761607	712380	701382	629722	678520	725123	0,12462701	0,07050076	0,205764242	0,11	0,20	-0,10	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Sgpon.02G008310-1T	UGP1	UDP-glucose pyrophosphorylase	20304,81	31	32077	31893	30419	33367	36023	38911	54791	40535	39961	31463	36100	45096	0,051217844	0,04096091	0,153031928	0,20	0,52	-0,32	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Sgpon.04G0020320-1A	UGP1	UTP- <i>c</i> -phosphate uridylyltransferase-like	5348,99	18	22601	24015	13329	16038	18843	15554	24348	11480	15136	19982	16811	16988	0,416859455	0,587960349	0,966519315	-0,25	-0,23	-0,02	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Sgpon.02G0010890-3P	UK12	Uridine kinase-like protein 2 chloroplastic	293,75	2	21442	21725	18043	33786	26105	24073	22180	32500	24415	20403	29788	26365	0,075910217	0,149729368	0,72505076	0,46	0,37	0,09	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Sgpon.07G0033930-1C	UPI1	E3 ubiquitin-protein ligase UPL	405,16	14	34045	32093	33170	37951	39063	43626	41724	42569	39243	33103	37214	41179	0,046874083	0,02142472	0,075897638	0,17	0,31	-0,15	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Sgpon.07G006570-1A	UPP	Uracil phosphoribosyltransferase	3964,24	6	39412	43083	39344	34801	38293	35137	34093	39112	50461	40613	36077	41222	0,052523368	0,908583626	0,358846882	-0,17	0,02	-0,19	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Sgpon.05G0011080-3C	VRV8	ultraviolet B receptor UVB-like	9449,52	7	30912	35393	34237	25887	29789	23664	22274	20255	26166	33581	26447	28988	0,034602605	0,08619102	0,227697675	-0,34	-0,55	0,21	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Sgpon.07G009570-3C	WNS4	UDP-glucuronic acid decarboxylase 4	833,69	4	13769	12270	12469	14402	15665	16109	15569	16345	14829	12836	15392	15581	0,02112002	0,129194798	0,792876269	0,26	0,28	-0,02	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Sgpon.01G0048460-1P	VAMP725	Vesicle-associated membrane protein 75	378,54	3	29953	30358	27197	34378	32507	30019	44906	25019	28272	29169	32302	32732	0,122949688	0,585472699	0,948673651	0,15	0,17	-0,02	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Sgpon.04G0004650-1A	VCS	enhancer of mRNA-decapping protein 4	4185,67	43	47710	46168	4976	60232	53860	60628	46576	58194	54424	47951	58240	53065	0,013813317	0,2281084	0,27183459	0,28	0,15	0,13	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Sgpon.04G004650-2B	VCS	enhancer of mRNA-decapping protein 4	3711,36	45	53907	56385	58001	66289	53951	67377	56815	71149	67149	56098	62539	68059	0,222774311	0,00987775	0,295271050	0,16	0,28	-0,12	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Sgpon.02G001020-1A	VDAC1	voltage-dependent anion channel protein 1b	1669,07	13	377528	334370	334674	374682	357690	351042	338697	368308	363161	34876	36088	356722	0,492270179	0,66279778	0,74023419	0,05	0,03	0,02	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Sgpon.03G0077440-1A	VDAC1	outer mitochondrial membrane protein porin	8460,51	15	279627	255217	257614	260015	274141	209672	191398	259408	274738	264153	247942	241848	0,451822897	0,451877669	0,85920894	-0,09	-0,13	0,04	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Sgpon.03G0012370-1A	VDAC1	outer plastidial membrane protein porin	843,22	2	46659	51222	33667	57286	59754	29311	28172	50181	55014	43849	48784	44456	0,6793609	0,953559795	0,75205156	0,15	0,02	0,13	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Sgpon.01G0005630-1A	VDAC2	Mitochondrial outer membrane protein porin 5	5143,84	15	89611	84637	97255	74409	90383	77955	64261	64595	72153	90508	80916	67124	0,18953953	0,06288554	0,06496462	-0,16	-0,43	0,27	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Sgpon.07G003280-2B	VDAC3	Mitochondrial outer membrane protein porin 2	17483,14	10	266352	264945	256066	208198	204097	187249	126419	194889	229760	262454	199848	183689	0,00049481	0,06195625	0,629958318	-0,39	-0,51	0,12	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Sgpon.07G003280-1A	VDAC3	voltage-dependent anion channel protein 2	15433,93	12	104333	103782	100904	159213	156705	143193	88445	136348	160744	102806	152828	128512	0,005801843	0,293448833	0,32705565	0,57	0,32	0,25	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Sgpon.04G0011780-1A	VHA-A	V-type proton ATPase catalytic subunit A	8788,89	35	88109	82044	81296	83852	90613	88820	98530	84793	82696	83816	87762	88652	0,252965155	0,422794971	0,876345633	0,07	0,08	-0,01	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Sgpon.04G0011780-2P	VHA-A	V-type proton ATPase catalytic subunit A	8061,38	30	110006	109059	106140	94194	106768	95354	91004	95307	105295	108402	98772	97202	0,082460036	0,061213023	0,80105682	-0,13	-0,16	0,02	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Sgpon.08G0004370-1A	VHA-A	V-type proton ATPase catalytic subunit A	7077,50	30	106316	95722	95186	85898	101119	92439	92756	87820	9901	99075	91312	93492	0,35797136	0,303059382	0,95477034	-0,09	-0,08	-0,01	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Sgpon.01G0037280-2C	VHA-A3	V-type proton ATPase subunit a3	735,26	12	45280	39663	41085	39988	45471	43890	39044	36798	39393	42676	42816	38412	0,95163487	0,079699121	0,051568121	0,00	-0,15	0,16	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Sgpon.08G0007100-2B	VHA-B2	vacuolar ATP synthase subunit B	13856,95	24	20809	21079	199883	188797	214517	201078	229001	202052	198889	205924	201464	209981	0,616952865	0,711034034	0,520371446	-0,03	0,03	-0,06	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Sgpon.07G0000200-1A	VHA-C	V-type proton ATPase subunit C	3542,54	16	17184	17441	15674	17413	15686	16702	5286	15496	16897	16766	16601	12560	0,835381406	0,3191332	0,335321833	-0,01	-0,42	0,40	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Sgpon.07G0017580-2B	VHA-C	V-type proton ATPase subunit C	3291,79	19	126454	124024	124976	114080	150599	156482	100968	149339	155887	125151	140387	135398	0,315271235	0,585193273	0,83032616	0,17	0,11	0,05	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Sgpon.07G001570-1A	VHA-C	V-type proton ATPase subunit C	3239,75	15	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-	-	-	-	-	-	-	-		
Sgpon.05G0036980-1D	VHA-D	V-type proton ATPase subunit D	701,66	3	24281	22950	27876	27141	28053	29787	9873	29308	30403	30322	33857	27142	28211	0,042337473	0,04104632	0,72782987	-0,32	-0,26	-0,06	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
Sgpon.03G0013230-1A	VHA-d2	probable V-type proton ATPase subunit d	1452,23	9	63398	3992	48583	72583	75100	55526	3505	57305	53117	50734	67739	48474	0,14076811	0,8285703	0,10434576	0,42	-0,07	0,48	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
Sgpon.03G0009200-1B	VHA-E1	V-type proton ATPase subunit E1-e	3703,21	8	151094	105599	97539	92653	16763	98615	96892	101320	99632	118077	119710	99281	0,95827713	0,445615103	0,02	-0,25	0,27	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED		
Sgpon.02G004180-2C	VHA-G1	vacuolar ATP synthase subunit G	18254,04	5	164484	175643	175770	132002	152811	150290	56683	158566	176755														

Tabela Suplementar 1 – Cont.