

ASSINATURAS MOLECULARES E CELULARES DA TOLERÂNCIA
AO ESTRESSE OSMÓTICO DURANTE A GERMINAÇÃO DE MILHO-
PIPOCA

BRUNA MARTINS DE ABREU

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
JANEIRO - 2026

ASSINATURAS MOLECULARES E CELULARES DA TOLERÂNCIA
AO ESTRESSE OSMÓTICO DURANTE A GERMINAÇÃO DE MILHO-
PIPOCA

BRUNA MARTINS DE ABREU

"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 Mestra em Genética e Melhoramento de Plantas"

Orientador: Prof. Vitor Batista Pinto

CAMPOS DOS GOYTACAZES - RJ
JANEIRO – 2026

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pela autora.

A162

Abreu, Bruna Martins de.

Assinaturas moleculares e celulares da tolerância ao estresse osmótico durante a germinação de milho-pipoca / Bruna Martins de Abreu. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2026.

173 f.

Bibliografia: 54 - 73.

Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2026.
Orientador: Vitor Batista Pinto.

1. Estresse abiótico. 2. Proteômica comparativa. 3. Ultraestrutura celular. 4. Segurança alimentar. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 631.5233

ASSINATURAS MOLECULARES E CELULARES DA TOLERÂNCIA
AO ESTRESSE OSMÓTICO DURANTE A GERMINAÇÃO DE MILHO-
PIPOCA

BRUNA MARTINS DE ABREU

“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 Mestra em Genética e Melhoramento de Plantas”

Aprovado em 28 de janeiro de 2026.

Comissão Examinadora:

Documento assinado digitalmente
gov.br MAXIMILLER DAL BIANCO LAMAS COSTA
Data: 04/03/2026 09:57:46-0300
Verifique em <https://validar.itu.gov.br>

Prof. Maximiller Dal-Bianco Lamas Costa (D.Sc., Ciências Biológicas) - UFV



Prof. Antonio Teixeira do Amaral Junior (D.Sc., Genética e Melhoramento) - UENF



Prof. Felipe Astolpho de Almeida (D.Sc., Biotecnologia Vegetal) - UENF



Prof. Vitor Batista Pinto (D.Sc., Genética e Melhoramento) - UENF
(Orientador)

DEDICATÓRIA

Aos meus pais, Geraldo Magela Martins de Abreu e Márcia Martins Frade de Abreu, às minhas irmãs, Denise e Tatiane, e ao meu noivo, Igor

AGRADECIMENTOS

Agradeço a Deus, por me conceder saúde, força, sabedoria e perseverança ao longo de toda essa trajetória, iluminando meus caminhos e sustentando minha fé;

À minha mãe, Márcia, pelo amor incondicional, apoio constante e incentivo permanente, sendo meu alicerce emocional e exemplo de dedicação, coragem e resiliência;

Ao meu pai, Geraldo, pelo amor incondicional, apoio e confiança depositados em mim, fundamentais para a construção da minha formação pessoal e acadêmica;

Ao meu noivo, Igor, pelo companheirismo, compreensão, paciência e incentivo ao longo de todo o período, tornando essa caminhada mais leve e significativa;

Às minhas irmãs, Denise e Tatiane, pelo carinho, apoio e presença constante, que foram essenciais para manter o equilíbrio emocional durante essa etapa;

Ao meu orientador, Prof. Vitor Batista Pinto, pela orientação, ensinamentos e confiança ao longo de todo o processo;

Aos colegas e amigos do laboratório, Lucas, Luciano, Gabriel, Marcos, Jullia, Luz, Louyse, Milena, pelo apoio técnico, troca de conhecimentos e convivência diária;

Agradeço também a todos que contribuíram para a realização deste trabalho, em especial ao Luciano, Lucas, Dra. Laís, Dra. Rosenilda, à equipe da UFV, à Profa. Maura, ao Prof. Henrique, ao Prof. Serginho e à Bia do PAM;

Ao Programa de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), pela oportunidade de formação acadêmica, pelo suporte institucional e pela contribuição para o meu crescimento científico e profissional;

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF, por oferecer a estrutura, o ambiente acadêmico e as condições necessárias para a realização deste trabalho.

À Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro (FAPERJ) pela concessão da bolsa de pesquisa.

À FAPERJ, Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) e Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) pelo apoio financeiro concedido a este trabalho.

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

A todos vocês, expresso meu sincero agradecimento!

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

ABA – ácido abscísico

APX – ascorbato peroxidase

CAT – catalase

CPA – comprimento da parte aérea

CSR – comprimento do sistema radicular

DAPs – proteínas diferencialmente acumuladas

EROs – espécies reativas de oxigênio

GR – glutathione redutase

HSPs – proteínas de choque térmico

IVG – índice de velocidade de germinação

IVG_D2 – índice de velocidade de germinação dia 2

IVG_D3 – índice de velocidade de germinação dia 3

IVG_D4 – índice de velocidade de germinação dia 4

IVG_D5 – índice de velocidade de germinação dia 5

IVG_D6 – índice de velocidade de germinação dia 6

JA – ácido jasmônico

JIPs – proteínas induzidas por jasmonato

LEA – late embryogenesis abundant

MAPA – Ministério da Agricultura e Pecuária

MET – microscopia eletrônica de transmissão

MEV – microscopia eletrônica de varredura

MFPA – massa fresca da parte aérea
MFSR – massa fresca do sistema radicular
MSPA – massa seca da parte aérea
MSSR – massa seca do sistema radicular
NR – número de ramificações
OCT – optimal cutting temperature compound
PCG – primeira contagem da germinação
PNG – plantas não germinadas
POD – peroxidases
PPA – porcentagem de plântulas anormais
PPN – porcentagem de plântulas normais
RE – reticulo endoplasmático
SOD – superóxido dismutase
TCA – ciclo do ácido cítrico
TTR – tamanho total da raiz

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1.** Desenvolvimento inicial das linhagens mais contrastantes de milho-pipoca 1824-2 (tolerante) e 1877-3 (sensível) após sete dias em condição de estresse osmótico (-0,3 MPa) e controle. Barra = 5 cm.....24
- Figura 2.** Morfologia do ápice radicular de plântulas de milho-pipoca das linhagens 1824-2 (tolerante) e 1877-3 (sensível) sob condições controle e estresse osmótico (-0,3 MPa). Observa-se, na linhagem 1877-3 sob estresse, acúmulo de material mucilaginoso na região da coifa radicular. Imagens obtidas em estereomicroscópio. Barra = 0,3 mm.....25
- Figura 3.** Imagens superficiais do ápice radicular de linhagens contrastantes de milho-pipoca sob controle e estresse osmótico. As setas indicam as descamações do ápice radicular.....26
- Figura 4.** Corte transversal do ápice radicular de linhagens de milho-pipoca contrastantes sob condição controle e estresse osmótico induzido por PEG 6000 (-0,3 MPa). Cortes corados com Azul de Toluidina e analisados em microscopia óptica, com aumento de 40 μm . A – aerênquima; C – córtex; E – epiderme.....27
- Figura 5.** Microscopia eletrônica de transmissão da linhagem tolerante (1824-2) na condição controle (A e B) e sob estresse osmótico (C e D). Em A e B, setas indicam parede celular bem definida e célula com formato isodiamétrico; os triângulos indicam a presença de lamela média. Observa-se a presença de organelas íntegras e citoplasma denso. Em C e D, setas indicam membrana plasmática com reentrâncias, os triângulos

indicam lamela média bem definida e ausência de secreção de componentes celulares, estrelas indicam vesículas de apoptose celular. Núcleos moderadamente íntegros, células com formato isodiamétrico.....28

Figura 6. Microscopia eletrônica de transmissão da linhagem sensível (1877-3) na condição controle (**A e B**) e sob estresse osmótico (**C e D**). Em A e B, setas indicam parede celular bem definida e célula com formato isodiamétrico. Presença de organelas íntegras e citoplasma denso. Em C e D, setas indicam degradação da cromatina, estrelas indicam secreção de componentes celulares devido à necrose celular, os triângulo indica ruptura do tonoplasto. Células com formatos irregulares.....29

Figura 7. Microscopia confocal do ápice radicular da linhagem tolerante (1824-2) sob estresse osmótico. Células do tecido vegetal em processo de apoptose. Os triângulos indicam fragmentação do DNA, evidenciada pela marcação nuclear, enquanto as setas indicam o encolhimento inicial do citoplasma, característico de eventos iniciais de morte celular programada.....30

Figura 8. Microscopia confocal do ápice radicular da linhagem sensível (1877-3) sob estresse osmótico. Células do tecido vegetal em processo de necrose. As setas indicam fragmentação e descontinuidade das membranas celulares, evidenciando perda da integridade estrutural e colapso celular desorganizado comprometendo a viabilidade do tecido radicular.....30

Figura 9. Análise proteômica comparativa em (A) parte aérea e (B) raízes de linhagens contrastantes de milho-pipoca sob condição de estresse osmótico. Comparação entre a linhagem tolerante (1824-2) sob estresse osmótico (TS) e condição controle (TC), e a linhagem sensível (1877-3) sob estresse osmótico (SS) e condição controle (SC). Tol: tolerante; Sens: sensível.....32

Figura 10. Análise de enriquecimento de vias KEGG. Parte aérea (A-B) e no sistema radicular (C-D) das linhagens sensível (SS) e linhagem tolerante (TS), comparando as condições de estresse osmótico/controlado. ($P < 0,01$).....34

Figura 11. Clusterização através do plugin MCODE da rede de interação proteína-proteína (PPI) das DAPs do sistema radicular da linhagem tolerante (1824-2), comparando as condições de estresse osmótico/controlado (TS/TC). Score de confiança $> 0,7$; $p < 0,01$35

Figura 12. Clusterização através do plugin MCODE da rede de PPI das DAPs do sistema radicular da linhagem sensível (1877-3), comparando as condições de estresse osmótico/controle (SS/SC). Score de confiança > 0,7; $p < 0,01$ 36

Figura 13. Rede de interação proteína-proteína (PPI) do complexo calreticulina / calnexina das DAPs sistema radicular da linhagem tolerante (1824-2) a partir da comparação entre as condições de estresse osmótico/controle (TS/TC). Score de confiança > 0,7; $p < 0,01$ 37

LISTA DE TABELAS

Tabela 1. Análise de germinação e desenvolvimento inicial de diferentes linhagens de milho-pipoca sob estresse osmótico.....	21
Tabela 2. Resumo da análise de variância conjunta (Modelo: 5x2 - linhagens x ambientes)	23
Tabela 3. Potenciais proteínas biomarcadoras identificadas em raízes da linhagem tolerante (comparação TS/TC) de milho-pipoca sob condição de estresse osmótico.....	39
Tabela 4. Potenciais proteínas biomarcadoras identificadas na parte aérea da linhagem tolerante (comparação TS/TC) de milho-pipoca sob condição de estresse osmótico.....	40
Tabela 5. Proteínas diferencialmente acumuladas (DAPs) na parte aérea de plântulas de milho pipoca na condição de estresse osmótico. TS/TC (linhagem tolerante na condição estresse/ linhagem tolerante na condição controle) e SS/SC (linhagem sensível na condição controle)	75
Tabela 6. Proteínas diferencialmente acumuladas (DAPs) no sistema radicular de plântulas de milho pipoca na condição de estresse osmótico. TS/TC (linhagem tolerante na condição estresse/ linhagem tolerante na condição controle) e SS/SC (linhagem sensível na condição estresse/ linhagem sensível na condição controle)	114

SUMÁRIO

RESUMO	xiii
ABSTRACT	xv
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	4
2.1 Objetivo geral.....	4
2.2 Objetivos específicos.....	4
3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	5
3.1. A cultura do milho-pipoca (<i>Zea mays L. var. everta</i>).....	5
3.2. Estresse osmótico.....	7
3.3. Estratégias para mitigação do estresse osmótico em plantas.....	8
4. MATERIAL E MÉTODOS	11
4.1 Material vegetal.....	11
4.2 Desenho experimental e condições de crescimento.....	11
4.3 Avaliações de parâmetros germinativos e de crescimento das plântulas.....	12
4.3.1. Análise de germinação.....	12
4.3.2. Análise de crescimento.....	13
4.3.3. Biomassa.....	14
4.4 Análise estatística.....	14
4.5. Análise anatômica, micromorfológica e ultraestrutural.....	15
4.5.1 Material botânico.....	15
4.5.2 Análise morfológica.....	15

4.5.3	Análise anatômica.....	15
4.5.4.	Análise ultraestrutural.....	16
4.5.5.	Análise morfoanatômica e celular.....	16
4.6	Análise proteômica.....	17
4.6.1	Extração das proteínas.....	17
4.6.2	Digestão das proteínas.....	18
4.6.3	Obtenção dos dados no espectrômetro de massas e análises funcionais.....	18
5.	RESULTADOS.....	20
5.1.	Efeitos do estresse osmótico induzido por PEG-6000 sobre a germinação e o desenvolvimento de plântulas de milho-pipoca.....	20
5.2.	Micromorfologia do ápice radicular avaliada por microscopia eletrônica de varredura (MEV) em resposta ao estresse osmótico.....	25
5.5.	Análise por microscopia confocal do ápice radicular em linhagens contrastantes de milho-pipoca sob estresse osmótico.....	29
5.6.	Análise do perfil proteômico de linhagens de milho-pipoca sob estresse osmótico.....	31
5.6.1	Distribuição de proteínas diferencialmente acumuladas.....	31
5.6.2	Enriquecimento funcional de vias metabólicas.....	31
5.6.3	Rede de interação proteína-proteína (PPI).....	32
5.6.	Identificação de biomarcadores chave de tolerância ao estresse osmótico.....	38
6.	DISCUSSÃO.....	41
6.1.	O estresse osmótico reduz o vigor e o crescimento inicial, limitando o potencial germinativo de milho-pipoca.....	41
6.2	A tolerância ao estresse osmótico em milho-pipoca é sustentada por uma arquitetura radicular preservada, reajuste tecidual e integridade celular e organelar.....	43
6.3.	A tolerância ao estresse osmótico em milho-pipoca é sustentada por uma resposta molecular sinérgica e tecido-específica.....	47
7.	CONCLUSÃO.....	52
	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	54
	APÊNDICE.....	74

RESUMO

ABREU, Bruna Martins de; M.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; janeiro 2026; Assinaturas moleculares e celulares da tolerância ao estresse osmótico durante a germinação de milho-pipoca; Orientador: D.Sc. Vitor Batista Pinto; Conselheiros: D.Sc. Vanildo Silveira e D.Sc. Antonio Teixeira do Amaral junior.

As mudanças climáticas têm intensificado eventos climáticos extremos, como a seca, que induz estresse hídrico em plantas e compromete a produção de cereais e a segurança alimentar. No Brasil, o milho-pipoca apresenta relevância econômica, entretanto sua produção ainda depende da importação de sementes, o que eleva os custos de produção. Nesse contexto, o desenvolvimento de cultivares nacionais mais tolerantes a estresses ambientais torna-se essencial. O presente estudo teve como objetivo identificar assinaturas moleculares e celulares associadas à tolerância e à sensibilidade ao estresse osmótico durante a germinação de linhagens endogâmicas contrastantes de milho-pipoca, por meio de análises morfofisiológicas, micromorfológicas, ultraestruturais e de proteômica comparativa. Sementes de cinco linhagens foram germinadas em câmara do tipo BOD ($25\text{ }^{\circ}\text{C} \pm 1\text{ }^{\circ}\text{C}$; fotoperíodo de 8 h de luz) por sete dias, sob condição controle (água) e sob tratamento de estresse osmótico simulado com PEG-6000 ($-0,3\text{ MPa}$), agente osmótico que reduz o potencial hídrico da solução e limita a absorção de água pelas sementes. O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente casualizado, em esquema fatorial 2×5 (condição hídrica \times linhagem). Com base nos caracteres morfofisiológicos, as linhagens 1824-2 e 1877-3 foram identificadas como tolerante e sensível ao estresse osmótico,

respectivamente. A linhagem tolerante apresentou maior vigor e desenvolvimento radicular, enquanto a linhagem sensível demonstrou redução no crescimento e maior dano estrutural. As análises microscópicas do sistema radicular evidenciaram, na linhagem sensível, alongamento apical reduzido, desorganização celular, colapso tecidual e alterações ultraestruturais no retículo endoplasmático. Em contraste, a linhagem tolerante manteve maior integridade estrutural, com formação de aerênquima e ocorrência de apoptose. As análises proteômicas foram realizadas em tecidos da parte aérea e das raízes dessas linhagens contrastantes, sob estresse osmótico e condição controle. A linhagem sensível apresentou maior acúmulo de proteínas diferencialmente acumuladas na parte aérea, enquanto o padrão oposto foi observado nas raízes da linhagem tolerante, sugerindo maior ativação metabólica no sistema radicular desta linhagem. Na parte aérea de ambas as linhagens, observou-se enriquecimento de vias relacionadas à biossíntese de aminoácidos e ao processamento de proteínas no retículo endoplasmático. Nas raízes, o metabolismo de aminoácidos e aminoaçúcares foi mais ativado na linhagem sensível, ao passo que vias centrais do metabolismo energético predominaram na linhagem tolerante. A análise de interação proteína-proteína revelou forte interação do complexo calreticulina-calnexina exclusivamente na linhagem tolerante, sugerindo resposta celular coordenada para mitigar danos no enovelamento proteico e aliviar o estresse do retículo endoplasmático. Além disso, foram identificados potenciais biomarcadores na linhagem tolerante associados à osmoproteção, à sinalização hormonal mediada por ácido abscísico (ABA) e ácido jasmônico (JA), à expansão celular e à defesa contra o estresse oxidativo. De modo geral, a tolerância ao estresse osmótico foi mediada por resposta integrada e tecido-específica, envolvendo adaptações fenotípicas, ativação de vias osmoprotetoras de aminoácidos e do metabolismo energético, sinergia hormonal e manutenção da integridade celular. Dessa forma, a linhagem tolerante constitui recurso genético promissor para programas de melhoramento voltados ao aumento da tolerância à seca em estágios iniciais de desenvolvimento, bem como para a identificação de biomarcadores em abordagens genéticas e biotecnológicas.

Palavras-chaves: Estresse abiótico; Proteômica comparativa; Ultraestrutura celular; Segurança alimentar.

ABSTRACT

ABREU, Bruna Martins de; M.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; January 2026; Molecular and cellular signatures of tolerance to osmotic stress during popcorn maize germination; Advisor: D.Sc. Vitor Batista Pinto, Committee members: D.Sc. Vanildo Silveira and D.Sc. Antonio Teixeira do Amaral Junior.

Climate change has intensified extreme weather events, such as drought, which induces water stress in plants and compromises cereal production and food security. In Brazil, popcorn holds significant economic relevance; however, production still relies on seed imports, which increases production costs. In this context, developing national cultivars with greater tolerance to environmental stresses is essential. This study aimed to identify molecular and cellular signatures associated with tolerance and sensitivity to osmotic stress during the germination of contrasting popcorn inbred lines using morphophysiological, micromorphological, ultrastructural, and comparative proteomic analyses. Seeds from five genotypes were germinated in a BOD chamber (25 °C; 8-h photoperiod) for seven days under control (water) and simulated osmotic stress conditions using PEG-6000 (-0.3 MPa), an osmotic agent that reduces the water potential of the solution and limits water absorption by the seeds. The experiment followed a completely randomized design in a 2 × 5 factorial scheme (water condition × genotype). Based on morphophysiological traits, genotypes 1824-2 and 1877-3 were identified as tolerant and sensitive to osmotic stress, respectively. The tolerant genotype exhibited greater vigor and root development, while the sensitive genotype showed reduced

growth and increased structural damage. Microscopic analyses of the root system revealed reduced apical elongation, cellular disorganization, tissue collapse, and ultrastructural changes in the endoplasmic reticulum (ER) of the sensitive genotype. Conversely, the tolerant genotype maintained greater structural integrity, characterized by aerenchyma formation and the occurrence of apoptosis. Proteomic analyses were conducted on shoot and root tissues of these contrasting genotypes under both osmotic stress and control conditions. The sensitive genotype showed a higher accumulation of differentially accumulated proteins in the shoots, whereas the opposite pattern was observed in the roots of the tolerant genotype, suggesting greater metabolic activation in its root system. In the shoots of both genotypes, there was an enrichment of pathways related to amino acid biosynthesis and protein processing in the ER. In the roots, amino acid and amino sugar metabolism were more active in the sensitive genotype, whereas central energy metabolism pathways predominated in the tolerant one. Protein–protein interaction analysis revealed a strong interaction of the calreticulin–calnexin complex exclusively in the tolerant genotype, suggesting a coordinated cellular response to mitigate protein folding damage and alleviate ER stress. Additionally, potential biomarkers associated with osmoprotection, abscisic acid (ABA) and jasmonic acid (JA) signaling, cell expansion, and oxidative stress defense were identified in the tolerant genotype. Overall, osmotic stress tolerance was mediated by an integrated and tissue-specific response involving phenotypic adaptations, activation of osmoprotective amino acid pathways and energy metabolism, hormonal synergy, and maintenance of cellular integrity. Consequently, the tolerant genotype represents a promising genetic resource for breeding programs aimed at increasing drought tolerance during early developmental stages, as well as for the identification of biomarkers in genetic approaches.

Keywords: Abiotic stress; Comparative proteomics; Cellular Ultrastructure; Food safety.

1. INTRODUÇÃO

O aquecimento global e o aumento nas concentrações de gases de efeito estufa têm impulsionado as alterações climáticas, ocasionando irregularidades e redução no volume e na precipitação de chuvas, intensificando e prolongando os períodos de estiagem (Osmolovskaya et al., 2018; Seleiman et al., 2021; IPCC, 2022). Este cenário vem se consolidando como a principal causa da redução da produtividade agrícola em escala mundial, comprometendo a segurança alimentar.

Projeções climáticas apontam que eventos extremos tenderão a ocorrer de forma cada vez mais frequente e intercalados com períodos de condições ambientais regulares (IPCC, 2021). No ano de 2021, as estimativas de produtividade da segunda safra de grãos no Brasil foram reduzidas em decorrência das intensas perdas ocasionadas pela seca prolongada (CONAB, 2021). Na safra 2023/2024, a produção brasileira de grãos foi estimada em 298,41 milhões de toneladas, representando uma redução de aproximadamente 21,4 milhões de toneladas em relação ao ciclo anterior. Essa queda está associada principalmente à irregularidade no regime de chuvas, com atraso na regularização do regime de precipitações durante o período de plantio e baixos índices pluviométricos (CONAB, 2024).

No contexto dos estresses climáticos, o déficit hídrico se destaca como o principal fator abiótico responsável pela redução da produtividade agrícola (Hafez e Gharib, 2016). Esse estresse desencadeia o fechamento estomático e reduz as

taxas de transpiração por meio de vias de sinalização reguladas por hormônios, limitando a difusão de CO₂ e a eficiência fotossintética (Kaur et al., 2021).

Durante as fases críticas do desenvolvimento vegetal, o déficit hídrico compromete o crescimento e o desenvolvimento das plantas, promovendo atraso no ciclo vegetativo, redução na emissão foliar e limitação do crescimento radicular, o que resulta em perdas expressivas de produtividade (Sah et al., 2020). Em nível celular, esse estresse provoca perda de turgor e alterações na fluidez e na composição das membranas, afetando o funcionamento fisiológico das células (Gong et al., 2014; De Ollas e Dodd, 2016).

O déficit hídrico no solo reduz seu potencial hídrico, limitando a disponibilidade de água para as plantas. Essa restrição provoca o estresse osmótico ao interromper o equilíbrio hídrico celular, dificultando a absorção de água. Como consequência, ocorre uma cascata de alterações fisiológicas, incluindo o acúmulo de solutos, a alteração do pH citoplasmático e produção excessiva de espécies reativas de oxigênio (EROs), que podem levar à peroxidação lipídica, desnaturação de proteínas e a perda da integridade das membranas celulares (Arif et al., 2020; Mukarram et al., 2021; Chourasia et al., 2021; Yu et al., 2024).

Para lidar com o estresse osmótico, as plantas podem ativar respostas de defesa mediadas por sensores de turgor, como a sinalização por cálcio, o acúmulo de osmólitos e o fechamento estomático (Yu et al., 2024). No entanto, quando o estresse osmótico se manifesta nas fases iniciais do desenvolvimento vegetal, essas respostas de defesa podem ser insuficientes, comprometendo processos essenciais à germinação e ao estabelecimento das plântulas. Em milho, essas alterações estão diretamente ligadas à perda de viabilidade das sementes, à redução da sobrevivência de plântulas e ao baixo desempenho agrônômico em condições de déficit hídrico (Mustamu et al., 2023), justificando a busca de linhagens com mecanismos de tolerância robustos já na germinação.

Para culturas sensíveis ao déficit hídrico, como o milho-pipoca (*Zea mays* L. var. *everta*), a escassez de água afeta diretamente características agrônômicas essenciais, como o rendimento de grãos, a capacidade de expansão da pipoca e a biomassa, levando a reduções expressivas na produtividade (Lima et al., 2019; Kamphorst et al., 2019; Kamphorst et al., 2021).

O milho-pipoca é uma cultura de alto valor econômico e nutricional, com mercado global estimado em bilhões de dólares (Verified market research, 2024).

No Brasil, sua produção concentra-se principalmente na segunda safra, período com maior suscetibilidade à escassez hídrica (Faria Junior et al., 2020). Essa cultura possui uma cadeia produtiva consolidada e em expansão, com os Estados Unidos e o Brasil ocupando posição de destaque em volume de produção (Lima et al., 2019; Kamphorst et al., 2021; Santos Junior et al., 2023). Diante desse cenário, torna-se fundamental o desenvolvimento de linhagens de milho-pipoca adaptadas às atuais condições edafoclimáticas e resilientes às mudanças climáticas.

Compreender o impacto e os mecanismos de tolerância ao estresse osmótico nas fases iniciais do desenvolvimento de milho-pipoca é essencial para o avanço de estratégias que visem a mitigação dos efeitos da seca sobre a produtividade agrícola. Dessa forma, a escolha de linhagens tolerantes e o manejo adequado para evitar o estresse osmótico são cruciais para evitar perdas produtivas e a necessidade de replantio em sistemas agrícolas. A elucidação desses mecanismos em estágios iniciais pode permitir a identificação de características-chave de resiliência, fornecendo suporte para a seleção de linhagens superiores e acelerando o desenvolvimento de cultivares com maior eficiência no uso da água e maior sustentabilidade agrícola.

A resposta do milho-pipoca ao déficit hídrico depende do estágio fenológico (Ribeiro et al., 2024). Em um estudo com 28 linhagens endogâmicas de populações tropicais, a tolerância foi avaliada por meio do estresse osmótico em plântulas e pela restrição de irrigação em plantas na fase vegetativa. A análise morfofisiológica revelou perfis de tolerância contrastantes entre essas fases, indicando que a seleção de linhagens resilientes deve considerar múltiplos estágios do ciclo da cultura (Ribeiro et al., 2024).

Apesar do progresso na triagem de linhagens tolerantes, o entendimento dos mecanismos que regulam essa resposta ainda é escasso. Compreender, de forma integrada, os componentes que orquestram a tolerância ao estresse osmótico é essencial para a identificação de biomarcadores voltados ao melhoramento genético nas fases iniciais de estabelecimento da cultura. Essa compreensão constitui a base para aumentar a resiliência das plantas à seca, que, somada à adoção de práticas agrícolas sustentáveis, configura uma estratégia relevante para mitigar os impactos das mudanças climáticas e assegurar a segurança alimentar (Seleiman et al., 2021).

2. OBJETIVOS

2.1 Objetivo geral

Identificar as alterações moleculares e celulares associadas à tolerância e à sensibilidade ao estresse osmótico durante a germinação de linhagens contrastantes de milho-pipoca.

2.2 Objetivos específicos

A- Avaliar os efeitos do estresse osmótico durante a germinação de diferentes linhagens de milho-pipoca;

B- Avaliar atributos morfológicos e de crescimento em diferentes linhagens de milho-pipoca sob estresse osmótico;

C- Identificar alterações anatômicas, micromorfológicas e ultraestruturais no sistema radicular de linhagens de milho-pipoca contrastantes sob condição de estresse osmótico.

D- Analisar o perfil proteômico das linhagens de milho-pipoca contrastantes sob condições de estresse osmótico e controle.

3. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

3.1. A cultura do milho-pipoca (*Zea mays L. var. everta*)

O milho (*Zea mays L.*) é uma monocotiledônea, pertencente à família Poaceae. É uma cultura ancestral cujo processo de domesticação ocorreu a partir do teosinto (*Zea mays ssp. parviglumis*), na região tropical do vale do rio Balsas, no México, expandindo-se gradualmente em direção ao norte e ao sul do continente americano (Matsuoka et al., 2002; Van Heerwaarden et al., 2011). Como espécie C4, apresenta alta eficiência na fixação de CO₂ e elevada taxa fotossintética, sendo que as variedades melhoradas estão entre as culturas alimentares de maior produtividade no mundo (Oliveira et al., 2022).

Atualmente, o milho é considerado um dos principais cereais cultivados globalmente, presente em quase todos os continentes e adaptado a diversas condições ambientais, com cultivares específicas para cada região (Paterniani et al., 2000). Esta cultura ocupa a maior área de cultivo entre as principais culturas agrícolas, com destaque para os Estados Unidos, a China e o Brasil como os maiores produtores mundiais (FAO, 2021). Embora seja destinado principalmente à produção de rações animais, o milho também desempenha papel significativo na alimentação humana, na produção de combustíveis e na fabricação de filmes e embalagens biodegradáveis (Oliveira et al., 2022).

Apesar de sua ampla adaptabilidade e elevada produtividade, a cultura do milho é sensível a fatores climáticos adversos, em especial o déficit hídrico. A escassez de água durante estádios fenológicos sensíveis, como o pré-

florescimento e a fase de enchimento de grãos, retarda o florescimento, reduz a formação de folhas, compromete o desenvolvimento do sistema radicular, podendo ocasionar perdas de produtividade que variam de 34 a 66% em linhagens suscetíveis à seca. Enquanto linhagens com maior tolerância tendem a apresentar redução menos acentuada no rendimento (Sah et al., 2020; Sathish et al., 2022). Nesse contexto, torna-se fundamental o desenvolvimento de cultivares adaptadas às mudanças climáticas, de modo a sustentar a expansão agrícola e produção de grãos.

O milho-pipoca (*Zea mays L. var. everta*) é uma classe de milho especial, que foi domesticado no México e posteriormente, expandida para a América Central e para a América do Sul (Kistler et al., 2018). Este cereal constitui importante fonte de carboidratos, predominantemente na forma de amido, além de fornecer proteínas, vitaminas do complexo B, minerais como magnésio e zinco, e fitoquímicos bioativos com atividade antioxidante, os quais estão associados a efeitos benéficos à saúde (Bathla et al., 2020; Ifie et al., 2025) e é amplamente apreciado como lanche (KAMPHORST *et al.*, 2021).

De acordo com COTAPEL (2020), o valor da saca de milho-pipoca pode alcançar valores duas a três vezes superiores ao do milho comum, devido ao elevado custo de produção dos grãos (Sfagro, 2022). Em nível global, o mercado de milho-pipoca foi estimado em US\$ 13,39 bilhões em 2023 (Verified market research, 2024). Os Estados Unidos lideram a produção global de pipoca, com o Brasil ocupando a segunda posição, apesar de ainda depender de importações para suprir a demanda interna (Sangiovo et al., 2021).

No Brasil, o estado de Mato Grosso lidera a produção nacional de grãos, respondendo por aproximadamente 32,4% da produção total, o que evidencia sua importância também na produção de milho-pipoca (IBGE, 2025). Para assegurar altos níveis de produtividade, é essencial adotar um manejo eficiente da cultura. Um dos principais desafios nesse contexto é que o milho-pipoca é tipicamente semeado durante a segunda safra, período caracterizado por maior suscetibilidade à instabilidade hídrica (Faria Junior et al., 2020).

Quando submetidas à baixa disponibilidade hídrica, as plantas de milho têm seu enraizamento, crescimento e desenvolvimento inicial comprometidos. Esses efeitos resultam em uma menor taxa de sobrevivência e redução da produtividade ao longo do ciclo. Adicionalmente, o déficit hídrico provoca danos fisiológicos

diretos, como perda da turgidez celular e limitação da absorção de nutrientes (Jaleel et al., 2009; Pipatsitee et al., 2022).

Dessa forma, o desenvolvimento de cultivares de milho-pipoca tolerantes ao estresse hídrico é imprescindível para assegurar não apenas o estabelecimento inicial das plântulas, mas também a estabilidade produtiva em condições de seca. Essa estratégia contribui para a redução da dependência de importações e para a consolidação de um sistema produtivo mais resiliente e economicamente viável.

3.2. Estresse osmótico

As plantas, por serem organismos sésseis, estão frequentemente expostas a estresses abióticos e bióticos. Dentre esses fatores, os abióticos destacam-se como aqueles de maior impacto no crescimento vegetal e na produtividade agrícola, agravando os desafios relacionados à segurança alimentar especialmente em países em desenvolvimento e em regiões menos favorecidas (MA et al., 2020; Zhang et al., 2021; Shabbir et al., 2022).

Dentre os fatores abióticos, o déficit hídrico figura como um dos principais limitantes, sendo o seu efeito primário o desencadeamento do estresse osmótico. Este tipo de estresse, que também pode ser provocado pela salinidade do solo e temperaturas extremas, reduz drasticamente o potencial hídrico dos tecidos vegetais (Seleiman et al., 2021; Snowdon et al., 2021). Como consequência, uma série de processos essenciais é comprometida, afetando a planta em níveis morfológico, fisiológico, bioquímico e molecular (Osmolovskaya et al., 2018).

O estresse osmótico envolve a redução do potencial hídrico da planta e a limitação na disponibilidade de água para os tecidos. Esse estresse ocorre quando há uma diminuição do potencial osmótico (Ψ_s) no ambiente, tornando-o mais negativo do que o potencial osmótico intracelular e dificultando a entrada de água por osmose (Xiong e Zhu, 2002). Em condições de seca, salinidade ou temperaturas extremas, o solo perde sua capacidade de fornecer água às raízes, criando um ambiente desfavorável ao equilíbrio hídrico da planta.

Como consequência, o estresse osmótico desencadeia alterações fisiológicas significativas, afetando diretamente processos essenciais ao desenvolvimento vegetal. Entre essas respostas, destacam-se a redução da fotossíntese, decorrente do fechamento estomático e da menor síntese de enzimas fotossintéticas, bem como a perda de turgor celular e mudanças na fluidez e na

composição das membranas (Gong et al., 2014; De Ollas e Dodd, 2016). Essas modificações refletem a complexidade das adaptações necessárias para manter o funcionamento celular em condições de disponibilidade hídrica limitada.

A resposta das plantas ao estresse osmótico resulta de uma complexa rede de vias de sinalização coordenadas, ativadas por múltiplos sensores capazes de detectar alterações no ambiente celular. Entre os principais estímulos percebidos estão a redução da pressão de turgor, que compromete a rigidez da parede celular e a sua interação com a membrana plasmática, flutuações na tensão da membrana e a diminuição do volume do fluido celular. Esta última eleva a concentração de macromoléculas no citosol, resultando em efeitos de aglomeração molecular que interferem no funcionamento dos processos celulares (Yu et al. 2024). Desta forma, é essencial compreender as bases da tolerância ao estresse osmótico para traçar estratégias direcionadas para o cultivo e melhoramento de culturas agrícolas.

3.3. Estratégias para mitigação do estresse osmótico em plantas

O estresse osmótico, imposto principalmente pela seca, pela alta salinidade e pelo congelamento (Xiong e Zhu, 2002), representa um dos mais graves desafios abióticos para as plantas terrestres, afetando criticamente a produtividade agrícola. Para sobreviver e se adaptar a essas condições adversas, as plantas ativam uma rede coordenada de respostas moleculares e celulares (Xiong e Zhu, 2002). As respostas de tolerância são tipicamente divididas em três categorias principais: manutenção da homeostase celular, desintoxicação de compostos nocivos (toxinas e espécies reativas de oxigênio), e a recuperação do crescimento (Xiong e Zhu, 2002).

O ajuste osmótico mediado pelo acúmulo de compostos compatíveis constitui uma resposta fundamental ao estresse hídrico. Esses osmorreguladores, como açúcares, polióis, aminoácidos e seus derivados, preservam a integridade e atividade de macromoléculas e organelas mesmo sob baixo potencial hídrico (Xiong e Zhu, 2002). O acúmulo de prolina, por exemplo, favorece o ajuste osmótico, a homeostase celular e o equilíbrio redox, reduzindo danos oxidativos e promovendo a sobrevivência e o crescimento em condições adversas (Ghosh et al., 2021; Zulfiqar e Ashraf, 2022; Hosseinifard et al., 2022). Este composto atua como osmoprotetor, protegendo estruturas celulares, enzimas e auxilia na resposta antioxidante e na recuperação pós-estresse (Hare e Cress, 1997; Ghosh et al.,

2021; Alvarez et al., 2021). Além disso, atua como molécula sinalizadora, modulando processos metabólicos e a expressão gênica relacionados à tolerância ao estresse (Hare e Cress, 1997; Alvarez et al., 2021).

A resposta ao estresse osmótico envolve uma rede regulatória complexa, incluindo vias de sinalização mediadas por fitohormônios (Zhao et al., 2015; He et al., 2018). O ácido abscísico (ABA) influencia o alongamento celular da raiz indiretamente, promovendo a biossíntese de auxina, que pode inibir o alongamento da raiz primária e promover o espessamento radial, como demonstrado no arroz (Qin et al., 2022). O ABA atua como regulador chave em processos como metabolismo, síntese proteica, transporte de membranas e respostas ao estresse e defesa (Gupta et al., 2022). Além do ABA, a perda de integridade da parede celular sob estresse osmótico pode induzir o acúmulo de ácido jasmônico (JA), cuja sinalização é conhecida por regular a biossíntese de metabólitos secundários. A atuação coordenada desses fitohormônios não apenas regula processos fisiológicos e metabólicos essenciais, mas também modula os mecanismos antioxidantes responsáveis pela desintoxicação de EROs geradas durante o estresse (Hamann et al., 2009; Wormit et al., 2012; Engelsdorf et al., 2018; Vaahtera et al., 2019; Bacete et al., 2022).

O acúmulo de EROs é uma resposta clássica ao estresse osmótico, levando à ativação do sistema antioxidante que visa proteger as células contra danos oxidativos. Esse sistema antioxidante é composto por enzimas como catalase (CAT), ascorbato peroxidase (APX), superóxido dismutase (SOD), peroxidases (POD) e glutatona redutase (GR), além de antioxidantes não enzimáticos, como glutatona, carotenoides, ácido ascórbico e tocoferóis (Wu et al., 2022). Esse sistema atua na neutralização dos efeitos provocados pelas EROs. Essa ação coordenada impede a peroxidação lipídica e o colapso funcional das membranas, protegendo a célula contra o estresse oxidativo (Yu et al., 2024). No entanto, quando o sistema antioxidante se torna insuficiente diante da intensidade do estresse, ocorrem alterações estruturais significativas nas organelas e nas membranas celulares.

O estresse osmótico provoca graves danos ultraestruturais, incluindo redução do volume celular, colapso vacuolar e desorganização de organelas, frequentemente associados ao aumento da peroxidação lipídica. A integridade da parede celular pode ser comprometida, enquanto organelas como mitocôndrias e

cloroplastos frequentemente exibem sinais de degradação, comprometendo a produção de energia e a fotossíntese (Singh et al., 2023).

A disponibilidade de água durante a germinação é essencial para reativar o metabolismo da semente, participando de forma direta e indireta em todas as fases do desenvolvimento inicial. Em condições de deficiência hídrica, ocorre uma diminuição significativa na taxa de germinação, principalmente devido à redução da atividade de enzimas hidrolíticas essenciais, como α -amilase, β -amilase e α -glicosidase, fundamentais para o metabolismo dos carboidratos de reserva. Essas alterações enzimáticas dificultam a mobilização dos nutrientes necessários, afetando diretamente o sucesso inicial do desenvolvimento das plântulas (Machado Neto et al., 2006; Marcos Filho, 2015; Biju et al., 2017).

A compreensão dos mecanismos de tolerância ao estresse requer uma abordagem que integre múltiplas escalas de análises. Essa integração não apenas descreve os fenótipos, mas permite elucidar os mecanismos celulares e moleculares subjacentes, identificando alvos precisos para o melhoramento genético, como proteínas-chave e vias metabólicas específicas.

Ao correlacionar fenótipos com mecanismos moleculares específicos, é possível superar as limitações de estratégias empíricas tradicionais, acelerando o desenvolvimento de cultivares mais resilientes e produtivas. Dessa forma, a pesquisa integrativa não apenas contribui para elucidar a complexidade adaptativa, mas também fornece alvos concretos para soluções sustentáveis frente aos desafios impostos pelas mudanças climáticas.

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Material vegetal

Foram utilizadas cinco linhagens endogâmicas de milho-pipoca provenientes de duas populações tropicais, previamente selecionadas pelo Programa de Melhoramento de Milho-Pipoca da Universidade Federal de Viçosa. Quatro linhagens são derivadas da população de Viçosa (1824-2, 1860-5, 1867-4 e 1877-3) e uma da população Beija-Flor (1920-1).

Em uma caracterização prévia, observou-se que a tolerância ao déficit hídrico variou conforme o estágio fenológico (Ribeiro et al., 2024). Na fase de plântula, 1824-2 foi caracterizada como a mais tolerante e 1877-3 a mais sensível. No estágio vegetativo V6, 1920-1 e 1867-4 foram tolerantes, enquanto 1860-5 se apresentou sensível (Ribeiro et al., 2024).

4.2 Desenho experimental e condições de crescimento

O experimento foi conduzido no Setor de Produção e Tecnologia de Sementes do Laboratório de Fitotecnia, vinculado ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias (CCTA) da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF), em Campos dos Goytacazes, RJ.

Sementes de cada linhagem foram tratadas com fungicida Maxim® (Syngenta). Em seguida, 25 sementes de cada linhagem foram distribuídas em duas folhas de papel Germitest®. Posteriormente os papéis foram enrolados,

constituindo uma repetição por linhagem. Foram utilizadas cinco repetições por tratamento, totalizando 125 sementes por linhagem/condição. Para a indução do estresse osmótico, os rolos foram umedecidos com solução de polietilenoglicol (PEG) 6000 (Synth, São Paulo – Brasil) com potencial osmótico de -0,3 MPa e concentração de 151 g.L⁻¹. No tratamento-controle, utilizou-se água destilada autoclavada. Em ambos os casos, o volume aplicado foi equivalente a 2,5 vezes o peso do papel seco (Ribeiro et al., 2024).

O experimento foi conduzido em câmara de germinação do tipo BOD, a 25 °C e com fotoperíodo de 8 h de luz durante 7 dias. O delineamento experimental foi inteiramente casualizado (DIC), no esquema fatorial 2x5 (ambiente x linhagem, respectivamente).

4.3 Avaliações de parâmetros germinativos e de crescimento das plântulas

4.3.1. Análise de germinação

- Índice de velocidade de germinação (IVG, plântula.dia⁻¹)

O índice de velocidade de germinação foi calculado com base no número de plântulas normais emergidas a cada dia, considerando-se germinadas aquelas que apresentaram comprimento mínimo radicular de 2 mm, conforme a fórmula proposta por Maguire (1962).

$$IVG = \sum \left(\frac{E_n}{N_m} \right)$$

Onde:

- E_n : corresponde ao número de plântulas germinadas no dia da contagem.

- N_m : corresponde ao número de dias decorridos da semeadura até o dia da contagem.

Foram consideradas plântulas normais aquelas que apresentaram todas as estruturas essenciais bem desenvolvidas e íntegras, incluindo sistema radicular e parte aérea, com potencial de desenvolvimento contínuo sob condições favoráveis, de acordo com os critérios estabelecidos pelas Regras para Análise de Sementes (RAS) do Ministério da Agricultura e Pecuária (MAPA).

- **Primeira contagem da germinação (PCG)**

A primeira contagem da germinação foi realizada no quarto dia após a semeadura, em todos os tratamentos, conforme estabelecido pelas Regras para Análise de Sementes. Nessa etapa, foram contabilizadas as plântulas consideradas normais, de acordo com os critérios morfológicos descritos para a cultura do milho. Foram consideradas germinadas as sementes que exibiram protrusão radicular mínima de 2 mm (Gusman et al., 2011).

- Porcentagem de plântulas normais (PPN, %)

A PPN foi realizada no sétimo dia de germinação em todos os tratamentos, considerando apenas aquelas que apresentaram desenvolvimento adequado das estruturas essenciais, conforme os padrões oficiais de avaliação de germinação.

- Porcentagem de plântulas anormais (PPA, %)

As plântulas que apresentaram ausência ou má formação de estruturas foram classificadas como anormais, incluindo aquelas com raiz primária ausente, atrofiada, necrosada ou severamente deformada, hipocótilo ou epicótilo ausente ou danificados, plântulas com deformações acentuadas, tecidos necrosados ou estruturas rompidas que comprometessem o desenvolvimento normal. A classificação foi realizada conforme os critérios estabelecidos pelas Regras para Análise de Sementes (RAS) do Ministério da Agricultura e Pecuária. A porcentagem de plântulas anormais (PPA) foi determinada no sétimo dia após a semeadura, em todos os tratamentos.

- Plantas não germinadas (PNG)

As PNG foram avaliadas no sétimo dia após a semeadura, em todos os tratamentos, por meio do equipamento GroundEye®.

4.3.2. Análise de crescimento

As seguintes características morfológicas foram avaliadas no sétimo dia após a semeadura, em todos os tratamentos, por meio do equipamento GroundEye®:

- Número de ramificações (NR);
- Comprimento do sistema radicular (CSR, cm);
- Comprimento da parte aérea (CPA, cm);

- Tamanho total radicular (TTR).

4.3.3. Biomassa

- Matéria fresca e seca (mg)

Após o sétimo dia de germinação e após a coleta dos dados referentes a IVG, PCG, PPN, PPA, PNG, NR, CSR, CPA e TTR, foram selecionadas dez plântulas para determinação da matéria fresca e seca. A matéria fresca da parte aérea (MFPA) e das raízes (MFPR) foi quantificada após a separação e pesagem individual em balança analítica. Para a matéria seca da parte aérea (MSPA) e das raízes (MSSR), as amostras foram secas em estufa de circulação forçada a 75 °C por 72 h e em seguida, foram pesadas em balança analítica para a determinação da massa seca.

4.4 Análise estatística

Os dados obtidos foram analisados por meio de análise de variância (ANOVA), seguida do teste de Tukey a 5% de significância empregando o *software* GENES (versão 8.0) (Cruz et al., 2013).

A análise de variância individual foi realizada para cada ambiente de acordo com o modelo estatístico:

$$Y_{ij} = \mu + T_i + \varepsilon_{ij}$$

em que:

- Y_{ij} : valor observado do i-ésimo tratamento ($i = 1, 2, \dots, 5$), na j-ésima repetição ($j = 1, 2, 3, 4, 5$);

- μ : média geral;

- T_i : efeito do i-ésimo tratamento ($i = 1, 2, \dots, 5$);

- ε_{ij} : erro experimental associado à observação Y_{ij} .

Posteriormente, foi realizada a análise de variância conjunta considerando os efeitos dos tratamentos e dos dois ambientes de acordo com o modelo estatístico:

$$Y_{ijk} = \mu + A_k + T_i + (T \times A)_{ik} + \varepsilon_{ijk}$$

em que:

- Y_{ijk} : observação do i-ésimo tratamento ($i = 1, 2, \dots, 5$), na j-ésima repetição ($j = 1, 2, 3, 4, 5$), no k-ésimo ambiente ($k = 1, 2$);
- μ : média geral;
- A_k : efeito fixo do k-ésimo ambiente ($k = 1, 2$), sendo $k = 1$ (ambiente controle) e $k = 2$ (ambiente estresse);
- T_i : efeito fixo do i-ésimo tratamento ($i = 1, 2, \dots, 5$);
- $(T \times A)_{ik}$ = efeito da interação entre o i-ésimo tratamento e o k-ésimo ambiente;
- ε_{ijk} : erro experimental associado à observação ijk .

4.5. Análise anatômica, micromorfológica e ultraestrutural

4.5.1 Material botânico

Amostras da região apical das raízes das duas linhagens mais contrastantes de ambos os tratamentos (estresse osmótico e controle) foram fixadas em solução aquosa contendo glutaraldeído a 2,5%, formaldeído a 4,0% e tampão cacodilato de sódio 0,05 M (pH 7,2) após a finalização do experimento no Laboratório de Biologia Celular e Tecidual da UENF.

4.5.2 Análise morfológica

Para a observação externa das raízes, amostras inteiras do sistema radicular dos dois linhagens mais contrastantes de ambos os tratamentos foram posicionadas em placas de Petri e examinadas sob o estereoscópio ZEISS Stemi SV11. As imagens foram registradas com o auxílio de uma câmera digital TA-0120-B acoplada ao equipamento, possibilitando a documentação da forma, posição e frequência das raízes. As imagens foram obtidas com o auxílio do *software OptView*.

4.5.3 Análise anatômica

Para a caracterização dos tecidos internos da raiz, as amostras fixadas provenientes dos dois linhagens mais contrastantes de ambos os tratamentos, previamente fragmentadas na região do ápice radicular, foram lavadas em tampão cacodilato 0,05 M (pH 7,2) e pós-fixadas em tetróxido de ósmio a 1%. Em seguida, as amostras foram desidratadas em série cetônica e infiltradas em resina sintética

Epon®. Posteriormente, as amostras foram seccionadas em ultramicrotomo rotativo Leica EM UC7, na espessura de 3 µm e os cortes obtidos foram corados com Azul de Toluidina (O'Brien et al., 1964) e montados em lâminas com Entellan®. Após o procedimento, as lâminas foram observadas no microscópio óptico ZEISS Axioplan e as imagens foram obtidas com o auxílio de uma câmera de vídeo TA-0120-E3, acoplado ao mesmo microscópio. As imagens foram obtidas utilizando o sistema digital de processamento de imagens *ImageView*.

4.5.4. Análise ultraestrutural

Para a análise ultraestrutural das raízes, fragmentos do ápice radicular das duas linhagens mais contrastantes de ambos os tratamentos foram embebidos e emblocados da mesma forma utilizada para a análise anatômica. Com o auxílio do ultramicrotomo, foram obtidos cortes ultrafinos (80 nm) e coletados em grades de cobre de 300 mesh. Os cortes foram contrastados com acetato de uranila 5,0%, por 40 min, e citrato de chumbo, por 5 min (Reynolds, 1963). A observação e as imagens foram feitas no Microscópio Eletrônico de Transmissão JEOL – TEM – 1400 PLUS, a uma aceleração de voltagem de 90 kV.

Para a observação das características externas das raízes, o material foi fixado e desidratado como descrito anteriormente, e em seguida, as amostras foram secas pelo método do ponto crítico utilizando o aparelho Leica EM CPD300. Posteriormente, os fragmentos foram colocados em fita adesiva de carbono em suportes adequados. Posteriormente, as amostras foram cobertas com uma camada de aproximadamente 20 nm de ouro e paládio, utilizando o metalizador BAL-TEC SCD 050. A observação e as imagens foram feitas no Microscópio Eletrônico de Varredura JEOL-JSM IT210 sob voltagem de aceleração de até 20 kV.

4.5.5. Análise morfoanatômica e celular

Foram utilizados fragmentos do ápice radicular das duas linhagens de milho-pipoca previamente identificados como os mais contrastantes quanto à resposta ao estresse osmótico. As raízes foram coletadas, fracionadas na região apical e imediatamente fixadas em tampão PBS (pH 7,0) contendo paraformaldeído, permanecendo em fixação por aproximadamente 24 h (overnight). Após a fixação, as amostras foram lavadas três vezes com tampão PBS

(pH 7,0) e, em seguida, submetidas ao processo de emblocamento em OCT (*Optimal Cutting Temperature Compound*). Para isso, os ápices radiculares foram cuidadosamente posicionados em moldes apropriados, recobertos com OCT e posteriormente congelados em nitrogênio líquido, garantindo a solidificação do meio de inclusão e a preservação da integridade estrutural dos tecidos. Após o congelamento, os blocos contendo as amostras foram utilizados para a obtenção dos cortes histológicos em criostato.

As lâminas utilizadas foram previamente acondicionadas em álcool etílico a 70% por 24 h e, posteriormente, secas overnight à temperatura ambiente. Após a secagem, as lâminas foram recobertas com gelatina, com o objetivo de favorecer a adesão dos cortes histológicos e melhorar a qualidade da visualização microscópica. A solução de gelatina foi preparada pela dissolução de 3 g de gelatina incolor em 300 mL de água destilada, mantida a 37 °C até completa solubilização. Em seguida, foram adicionados 150 mg de, com posterior homogeneização e filtração em papel filtro. As lâminas foram então imersas nessa solução e mantidas em secagem à temperatura ambiente.

Os cortes histológicos foram obtidos em criostato (HYRAX C25), com espessura de 20 µm, sendo posteriormente montados sobre as lâminas previamente preparadas. Para a visualização em microscopia confocal, os cortes foram submetidos à coloração utilizando *Enzyme Solution* e *Label Solution*, permanecendo em incubação por 1 h a 37 °C em estufa. Após esse período, as lâminas foram lavadas com tampão PBS e, em seguida, analisadas em microscópio confocal, de acordo com as configurações específicas do equipamento.

4.6 Análise proteômica

4.6.1 Extração das proteínas

A extração de proteínas totais foi realizada conforme Damerval et al. (1986) com modificações. Foram utilizadas as duas linhagens mais contrastantes identificadas no ensaio de germinação. Ao final do experimento, a parte aérea e raízes das plântulas de ambas as condições foram separadas e imediatamente maceradas em nitrogênio líquido. Para cada uma das três réplicas biológicas por tratamento, foram utilizadas 300 mg (parte aérea) e 450 mg (raízes) de material vegetal fresco.

As amostras foram ressuspensas em tampão de extração contendo 10% (v/p) de ácido tricloroacético (TCA; Sigma-Aldrich, St. Louis, EUA) em acetona (Merck, Darmstadt, Alemanha), contendo 20 mM de dithiothreitol (DTT; GE Healthcare, Piscataway, EUA). A mistura foi centrifugada a 16.000 g por 20 minutos a 4 °C. Os pellets obtidos foram lavados três vezes com acetona gelada + 20 mM de DTT e foram secos ao ar. Os pellets foram ressuspensos em tampão contendo 7 M de ureia (GE Healthcare), 2 M de tiourea (GE Healthcare), 1% de DTT, 1 mM de fenilmetilsulfonil (PMSF; Sigma-Aldrich) e 2% de Triton X-100 (Sigma-Aldrich), agitados em vórtex por 30 minutos e em seguida, centrifugados a 16.000 g por 20 min a 4 °C. Os sobrenadantes foram coletados e as concentrações de proteínas foram determinadas pelo método de Bradford (Bio-Rad, EUA), utilizando leitura em microplaca a 595 nm em espectrofotômetro.

4.6.2 Digestão das proteínas

Antes da tripsinização, as amostras de proteínas foram precipitadas usando um método de extração com metanol/clorofórmio para remover quaisquer compostos interferentes das amostras (Nanjo et al., 2012). As amostras foram ressuspensas em solução contendo 7 M de ureia e 2 M de tiourea.

A digestão das proteínas foi realizada com tripsina (V5111, Promega, Madison, WI, EUA) na proporção de 1:100 (enzima:proteína), utilizando unidades de filtro Microcon de 30 kDa (Merck Millipore, Burlington, MA, EUA), de acordo com a metodologia de preparação de amostras assistida por filtro (FASP) (REIS *et al.* 2021). Os peptídeos obtidos foram quantificados em espectrofotômetro *NanoDrop* 2000c (*Thermo Fisher Scientific, Waltham, EUA*) a 205 nm.

4.6.3 Obtenção dos dados no espectrômetro de massas e análises funcionais

As amostras foram injetadas em um espectrômetro de massas nanoAcquity UPLC, acoplado a um instrumento Q-TOF SYNAPT G2-Si (Waters, Manchester, Reino Unido). As corridas consistiram em três réplicas biológicas de 2 µg por amostra. O processamento dos espectros e a busca na base de dados foram executados utilizando o *software* ProteinLynx Global SERVER (PLGS) versão 3.02

(Waters), com o banco de proteínas de *Zea mays* (ID: UP000007305), disponível no UniProtKB (www.uniprot.org).

A quantificação *label free* foi realizada através do software ISOQuant (versão 1.7) (Distler et al., 2021). Para garantir a qualidade dos resultados, apenas as proteínas presentes nas três réplicas foram aceitas para análise de acúmulo diferencial. Para a análise proteômica comparativa, foram consideradas reguladas as proteínas que atenderam aos critérios teste t ($P < 0,05$) e Log_2 fold change (FC) significativo. Proteínas foram consideradas up-acumuladas se o valor de log_2 FC fosse superior a 0,585 e down-acumuladas se o valor log_2 FC fosse inferior a -0,585.

A visualização dos perfis de acúmulo das proteínas foi representada por meio de um heatmap, elaborado na plataforma SRplot. As análises de enriquecimento de vias metabólicas da plataforma KEGG foram conduzidas nos softwares ShinyGO, versão 0.85 (<https://bioinformatics.sdstate.edu/go/>). As redes de interação proteína-proteína foram construídas utilizando o software STRING e posteriormente refinadas no software Cytoscape, versão 3.10.3 (Shannon et al., 2003).

5. RESULTADOS

5.1. Efeitos do estresse osmótico induzido por PEG-6000 sobre a germinação e o desenvolvimento de plântulas de milho-pipoca.

Sob a condição de estresse osmótico induzida por PEG-6000 (-0,3 MPa), foi observada uma variabilidade significativa entre as linhagens nos atributos de germinação e crescimento. Conforme a análise de variância (ANOVA) e o teste Tukey ($p < 0,05$), a linhagem 1824-2 obteve valores significativamente superiores para IVG_D2, CSR, TTR e MFPA. Em contraste, a linhagem 1877-3 apresentou os menores valores para a maioria das variáveis, com exceção da PPA, onde registrou maior dano fisiológico na condição de estresse osmótico (Tabela 1).

A análise conjunta indicou efeito significativo do fator linhagens para a maioria das variáveis avaliadas, além de interação significativa linhagem x ambiente (GXA) para características relacionadas ao vigor inicial e desenvolvimento radicular (Tabela 2).

Tabela 1. Análise de germinação e desenvolvimento inicial de diferentes linhagens de milho-pipoca sob estresse osmótico.

Variáveis	Linhagens					
	Condição	1824-2	1920-1	1867-4	1860-5	1877-3
IVG_D2	Controle	23.40 Aa	24.60 Aa	23.20 Aa	23.40 Aa	19.40 Ab
	Estresse osmótico (-0,3MPa)	12.80 Ba	3.20 Bb	0.40 Bc	2.00 Bbc	0.00 Bc
IVG_D3	Controle	0.40 Bb	0.40 Bb	1.40 Bb	0.80 Bb	3.60 Ba
	Estresse osmótico (-0,3MPa)	10.60 Ab	20.40 Aa	17.20 Aa	19.00 Aa	9.40 Ab
IVG_D4	Controle	0.00 Aa	0.00 Ba	0.00 Ba	0.00 Ba	0.20 Ba
	Estresse osmótico (-0,3MPa)	0.00 Ac	1.40 Ac	6.40 Aab	2.60 Abc	8.80 Aa
IVG_D5	Controle	0.0 a	0.0 a	0.0 a	0.0 a	0.0 a
	Estresse osmótico (-0,3MPa)	0.2 ab	0.0 b	0.6 ab	0.6 ab	1.4 a
IVG_D6	Controle	0.0 a	0.0 a	0.0 a	0.0 a	0.0 a
	Estresse osmótico (-0,3MPa)	0.0 b	0.0 b	0.18 a	0.03 ab	0.0 b
PCG	Controle	23.80 Aab	25.00 Aa	24.40 Aa	24.20 Aa	22.40 Ab
	Estresse osmótico (-0,3MPa)	5.40 Ba	7.60 Ba	0.00 Bb	0.00 Bb	0.00 Bb
PPN	Controle	23.60 Aab	25.00 Aa	24.60 Aa	24.20 Aa	22.40 Ab
	Estresse osmótico (-0,3MPa)	22.60 Ba	23.20 Ba	13.40 Bb	18.80 Ba	7.60 Bc
PPA	Controle	0.20 Ba	0.00 Ba	0.40 Ba	0.20 Ba	1.00 Ba
	Estresse osmótico (-0,3MPa)	0.80 Ac	1.80 Ac	11.40 Aab	6.00 Abc	13.00 Aa

Tabela 1 – Cont.

Variáveis	Condição	Linhagens				
		1824-2	1920-1	1867-4	1860-5	1877-3
PNG	Controle	1.20 Ba	0.00 Aa	0.00 Aa	0.60 Aa	1.60 Aa
	Estresse osmótico (-0,3MPa)	1.60 Ab	0.00 Ab	0.20 Ab	0.20 Ab	4.40 Aa
NR	Controle	77.80 Aa	79.80 Aa	54.00 Aa	64.40 Aa	79.20 Aa
	Estresse osmótico (-0,3MPa)	37.20 Ba	49.20 Ba	44.40 Ba	31.20 Ba	30.80 Ba
CSR	Controle	10.02 Bb	11.66 Aab	11.86 Aab	14.38 Aa	11.25Aab
	Estresse osmótico (-0,3MPa)	12.45 Aa	11.13 Bab	9.79 Bb	9.37 Bbc	7.32 Bc
CPA	Controle	7.38 Aa	8.29 Aa	8.34 Aa	5.77 Ab	7.91 Aa
	Estresse osmótico (-0,3MPa)	1.09 Ba	1.17 Ba	0.95 Ba	0.61 Bb	0.52 Bb
TTR	Controle	17.44 Ab	19.96 Aa	20.20 Aa	20.15 Aa	19.16 Aab
	Estresse osmótico (-0,3MPa)	13.54 Ba	12.30 Bab	10.74 Bbc	9.98 Bcd	7.84 Bd
MFPA	Controle	1.73 Ab	1.77 Aab	1.75 Aab	1.79 Aab	2.09 Aa
	Estresse osmótico (-0,3MPa)	0.28 Ba	0.21 Bab	0.15 Bbc	0.10 Bcd	0.06 Bd
MFSR	Controle	1.12 Ac	1.86 Aa	1.54 Ab	1.75 Aab	1.80 Aab
	Estresse osmótico (-0,3MPa)	0.72 Bb	1.07 Ba	0.79 Bb	0.70 Bb	0.43 Bc
MSPA	Controle	0.16 Aa	0.17 Aa	0.14 Aa	0.16 Aa	0.17 Aa
	Estresse osmótico (-0,3MPa)	0.04 Ba	0.03 Bab	0.03 Bbc	0.02 Bc	0.01 Bd
MSSR	Controle	0.14 Ab	0.22 Aa	0.15 Ab	0.20 Aa	0.20 Aa
	Estresse osmótico (-0,3MPa)	0.14 Aa	0.18 Ba	0.14 Bb	0.13 Bb	0.09 Bc

*As médias seguidas pelas mesmas letras minúsculas nas linhas (linhagens) e maiúsculas nas colunas (ambientes) não apresentam diferença estatística significativa pelo teste de Tukey ($P < 0,05$).

Tabela 2. Resumo da análise de variância conjunta (Modelo: 5x2 - linhagens x ambientes).

QM	Fatores				
	Linhagens	Ambiente	GxA	Resíduo	CV (%)
IVG_D2	4.87**	-	0.63 ^{ns}	0,46	11,53
IVG_D3	1.00**	-	9.62**	0,57	28,53
IVG_D4	0.00 ^{ns}	-	2.01**	0,2	16,74
IVG_D5	0.00 ^{ns}	-	0.03*	0,01	26,59
IVG_D6	0.00 ^{ns}	-	0.07**	0,01	13,82
PCG	4.74**	-	26.77**	1,81	28,53
PPN	5.14**	-	89.97**	4,24	26,59
PPA	0.74 ^{ns}	-	67.22**	4,84	13,82
PNG	2.56*	-	4.00*	1,18	25,28
NR	654.34*	-	529.33 ^{ns}	278,55	25,28
CSR	12.66**	-	21.49**	1,5	11,53
CPA	5.65**	-	2.29**	0,27	20,3
TTR	6.75*	-	20.95**	1,6	16,74
MFPA	0.11*	-	0.12**	0,02	11,53
MFSR	0.46**	-	0.32**	0,02	20,3
MSPA	0.00 ^{ns}	-	0.00**	0	16,74
MSSR	0.01**	-	0.01**	0	28,53

ns = não significativo

Através das análises dos atributos morfofisiológicos, foi possível destacar a linhagem 1824-2 como a mais tolerante e a linhagem 1877-3 como a mais sensível ao estresse osmótico.

A condição de estresse osmótico induziu alterações fenotípicas significativas nas linhagens mais contrastantes de milho-pipoca (Figura 1), com redução generalizada da parte aérea. No entanto, as respostas do sistema radicular foram contrastantes. A análise visual do ápice radicular das linhagens mais contrastantes revelou uma morfologia alongada e uniforme em ambos na condição controle (Figura 2). Sob estresse, a linhagem 1824-2 manteve um ápice bem definido e alongado, enquanto a linhagem 1877-3 apresentou alongamento apical reduzido, espessamento e acúmulo de mucilagem (Figura 2).

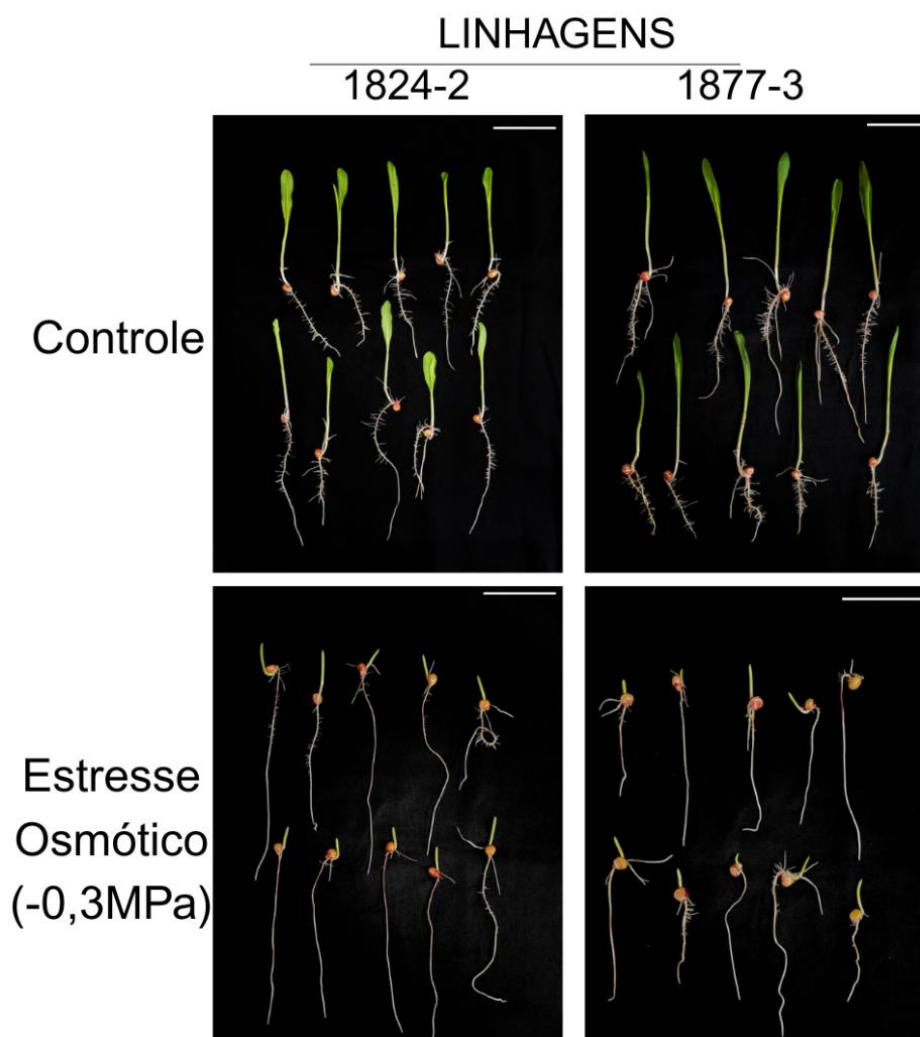


Figura 1. Desenvolvimento inicial das linhagens mais contrastantes de milho-pipoca 1824-2 (tolerante) e 1877-3 (sensível) após sete dias em condição de estresse osmótico (-0,3 MPa) e controle. Barra = 5 cm.

5.2. Micromorfologia do ápice radicular avaliada por microscopia eletrônica de varredura (MEV) em resposta ao estresse osmótico

Por meio da análise de MEV, foi possível observar que a linhagem sensível (1877-3) apresentou descamação acentuada da superfície do ápice radicular após ser exposto à condição de estresse osmótico (Figura 3). Em contraste, a linhagem tolerante (1824-2) manteve a estrutura do ápice radicular mais preservada sob as mesmas condições, com menor grau de alteração morfológica detectada.

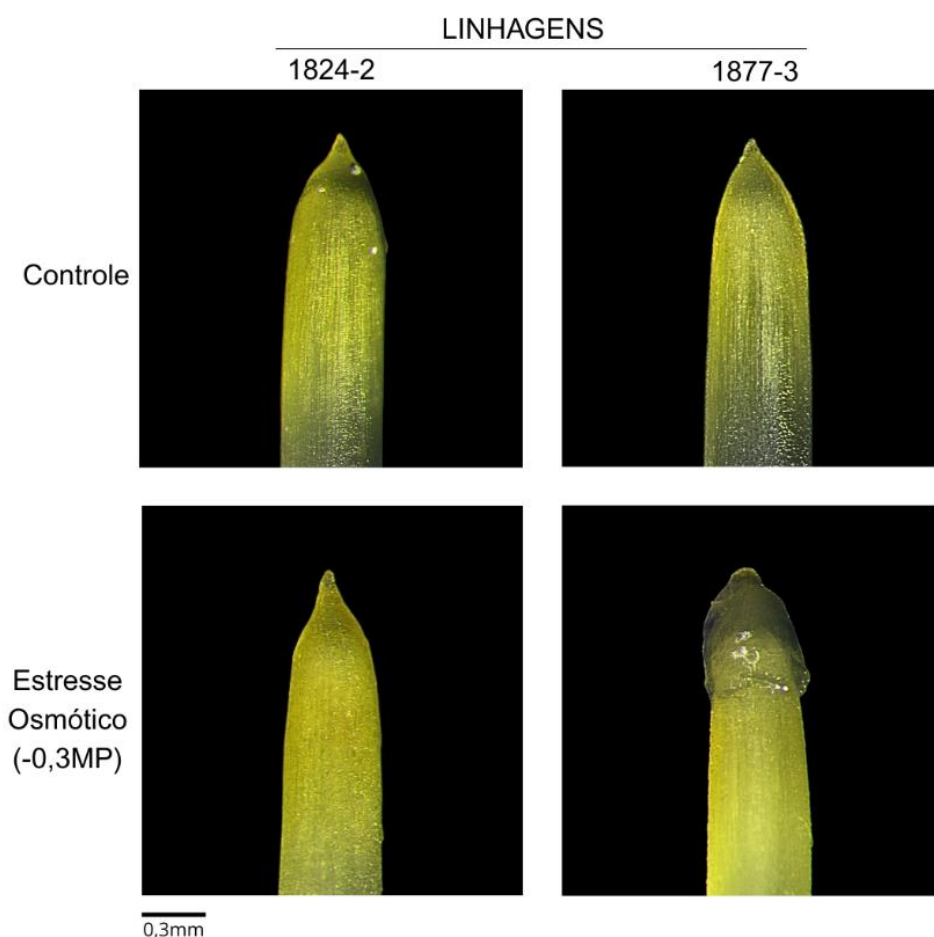


Figura 2. Morfologia do ápice radicular de plântulas de milho-pipoca das linhagens 1824-2 (tolerante) e 1877-3 (sensível) sob condições controle e estresse osmótico (-0,3 MPa). Observa-se, na linhagem 1877-3 sob estresse, acúmulo de material mucilaginoso na região da coifa radicular. Imagens obtidas em estereomicroscópio. Barra = 0,3 mm.

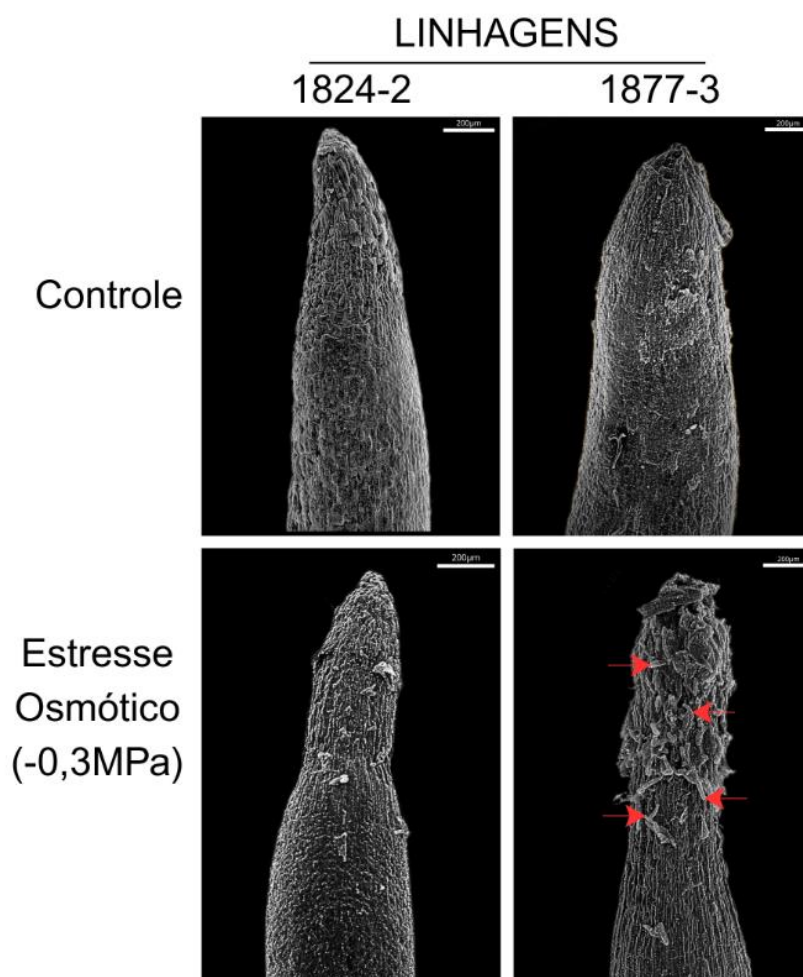


Figura 3. Imagens superficiais do ápice radicular de linhagens contrastantes de milho-pipoca sob controle e estresse osmótico. As setas indicam as descamações do ápice radicular.

5.3. Análise anatômica do ápice radicular por microscopia óptica em linhagens contrastantes sob estresse osmótico

Através da microscopia óptica foi possível observar o padrão tecidual no ápice radicular das linhagens de milho-pipoca mais contrastantes (Figura 4). Em condição controle, observou-se na linhagem tolerante (1824-2) uma organização cortical mais preservada, com células predominantemente isodiamétricas, paredes celulares bem definidas e espaços intercelulares discretos, características típicas de tecidos jovens e metabolicamente ativos. No entanto, a linhagem sensível (1877-3), mesmo na ausência de estresse, apresentou alterações basais na organização celular e tecidual, sugerindo que parte da resposta anatômica observada sob estresse osmótico encontra-se parcialmente pré-estabelecida nessa linhagem.

Sob estresse osmótico, a linhagem tolerante manteve a integridade da epiderme e a preservação dos espaços intercelulares, além de apresentar baixo grau de colapso celular e células com formatos mais regulares, indicando manutenção da turgescência celular e maior integridade das paredes celulares. Em contraste, a linhagem 1877-3 exibiu desorganização acentuada dos tecidos, colapso celular e compactação cortical, com células de formatos irregulares e redução dos espaços intercelulares, sugerindo perda de turgescência e comprometimento da integridade estrutural do ápice radicular.

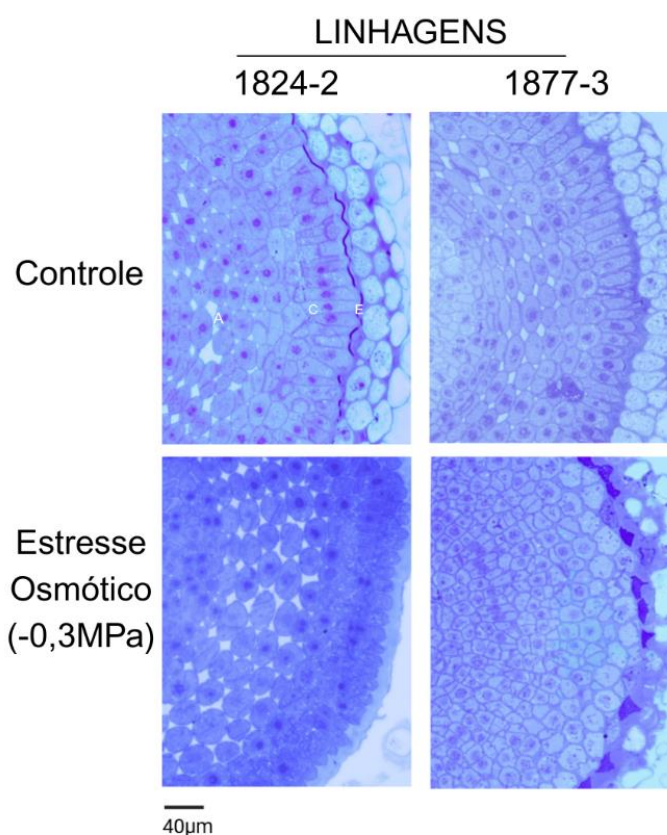


Figura 4. Corte transversal do ápice radicular de linhagens de milho-pipoca contrastantes sob condição controle e estresse osmótico induzido por PEG 6000 (-0,3 MPa). Cortes corados com Azul de Toluidina e analisados em microscopia óptica, com aumento de 40 µm. A – aerênquima; C – córtex; E – epiderme.

5.4. Análise ultraestrutural do ápice radicular por MET em linhagens contrastantes

A microscopia eletrônica de transmissão permitiu comparar as linhagens mais contrastantes quanto à ultraestrutura celular do ápice radicular (Figura 5). A linhagem tolerante (1824-2), mesmo em condição de estresse osmótico, manteve

a parede celular e membrana plasmática preservadas, núcleo bem delimitado e citoplasma denso, com baixa ocorrência de vesículas (Figura 5C-D). Em contraste, a linhagem sensível (1877-3) exibiu alterações ultraestruturais acentuadas sob estresse osmótico, caracterizadas por desorganização citoplasmática, intensa formação de vesículas, alterações nucleares e modificações significativas na organização do retículo endoplasmático, sugerindo comprometimento dos sistemas de membranas e do metabolismo celular (Figura 6C-D). Esses achados corroboram as observações obtidas por MEV, nas quais a linhagem sensível apresentou desorganização tecidual, colapso celular e perda da regularidade estrutural no ápice radicular.

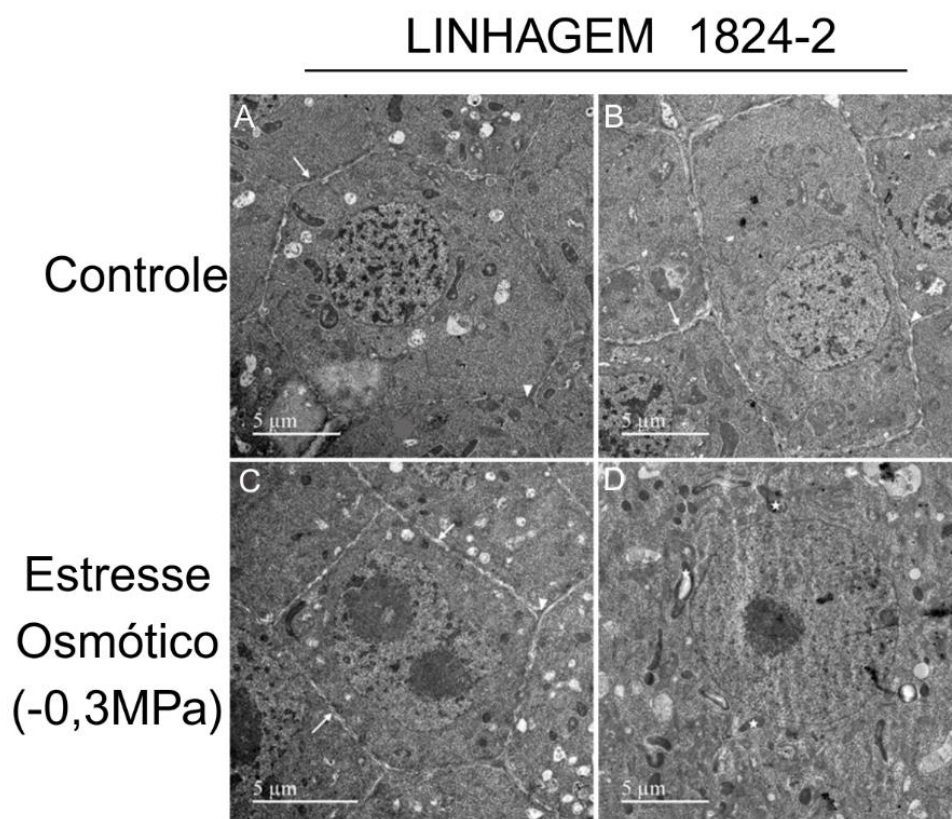


Figura 5. Microscopia eletrônica de transmissão da linhagem tolerante (1824-2) na condição controle (A e B) e sob estresse osmótico (C e D). Em A e B, setas indicam parede celular bem definida e célula com formato isodiamétrico; os triângulos indicam a presença de lamela média. Observa-se a presença de organelas íntegras e citoplasma denso. Em C e D, setas indicam membrana plasmática com reentrâncias, os triângulos indicam lamela média bem definida e ausência de secreção de componentes celulares, estrelas indicam vesículas de apoptose celular. Núcleos moderadamente íntegros, células com formato isodiamétrico.

LINHAGEM 1877-3

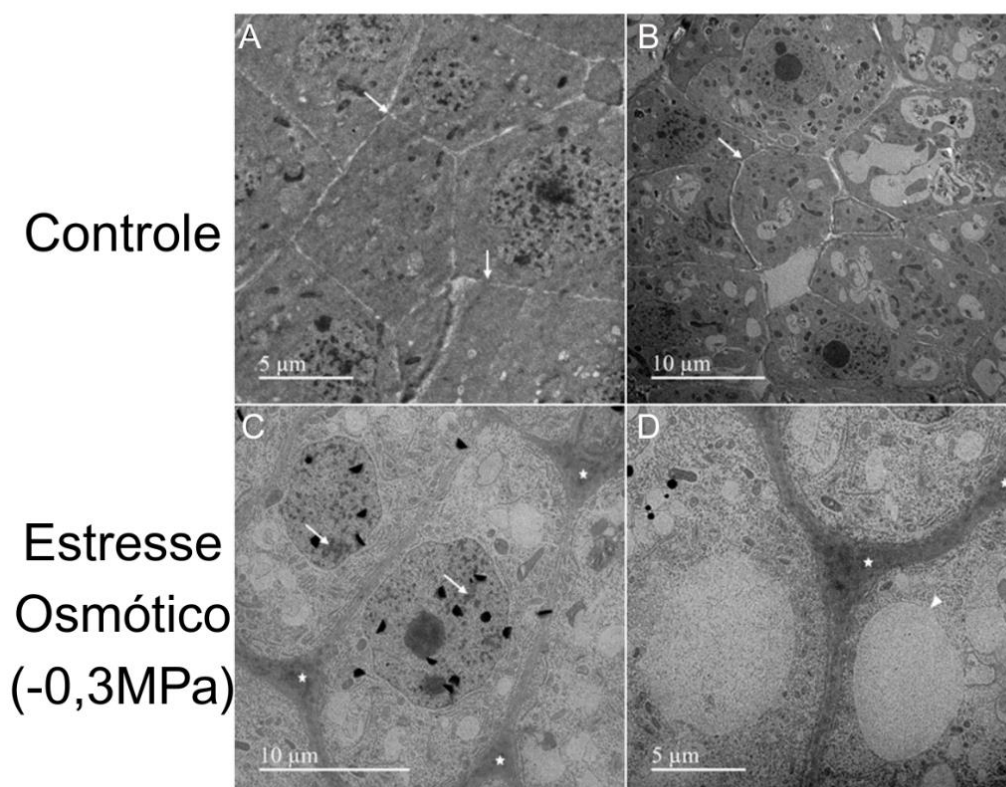


Figura 6. Microscopia eletrônica de transmissão da linhagem sensível (1877-3) na condição controle (**A** e **B**) e sob estresse osmótico (**C** e **D**). Em A e B, setas indicam parede celular bem definida e célula com formato isodiamétrico. Presença de organelas íntegras e citoplasma denso. Em C e D, setas indicam degradação da cromatina, estrelas indicam secreção de componentes celulares devido à necrose celular, os triângulo indica ruptura do tonoplasto. Células com formatos irregulares.

5.5. Análise por microscopia confocal do ápice radicular em linhagens contrastantes de milho-pipoca sob estresse osmótico

A microscopia confocal confirmou as respostas celulares contrastantes ao estresse osmótico entre as linhagens (Figuras 7 e 8). Na linhagem tolerante (1824-2), foi confirmada a ocorrência de apoptose, caracterizada pela fragmentação do DNA nuclear e pelo encolhimento inicial do citoplasma (Figura 7). Já na linhagem sensível (1877-3), as células exibiram um padrão de necrose, apresentando fragmentação e descontinuidade das membranas celulares, o que indica a perda total da integridade estrutural e morte celular desorganizada (Figura 8).

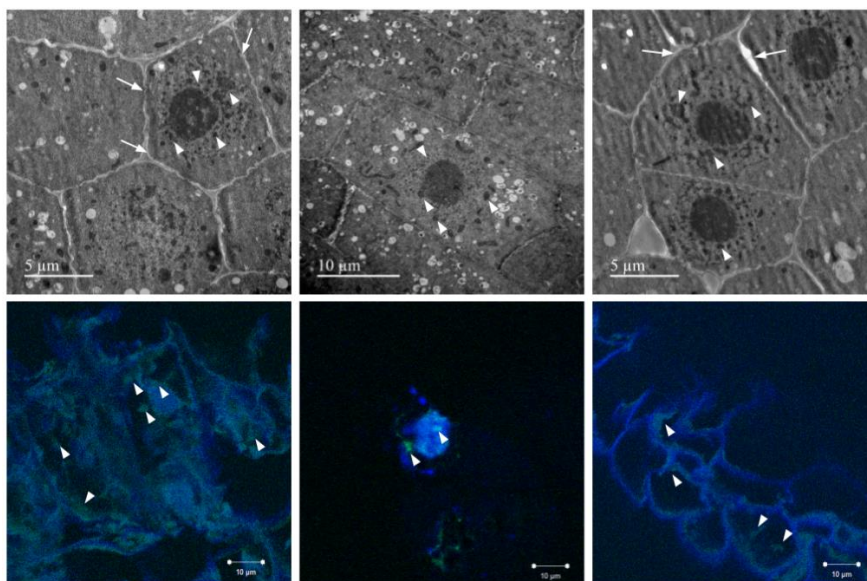


Figura 7. Microscopia confocal do ápice radicular da linhagem tolerante (1824-2) sob estresse osmótico. Células do tecido vegetal em processo de apoptose. Os triângulos indicam fragmentação do DNA, evidenciada pela marcação nuclear, enquanto as setas indicam o encolhimento inicial do citoplasma, característico de eventos iniciais de morte celular programada.

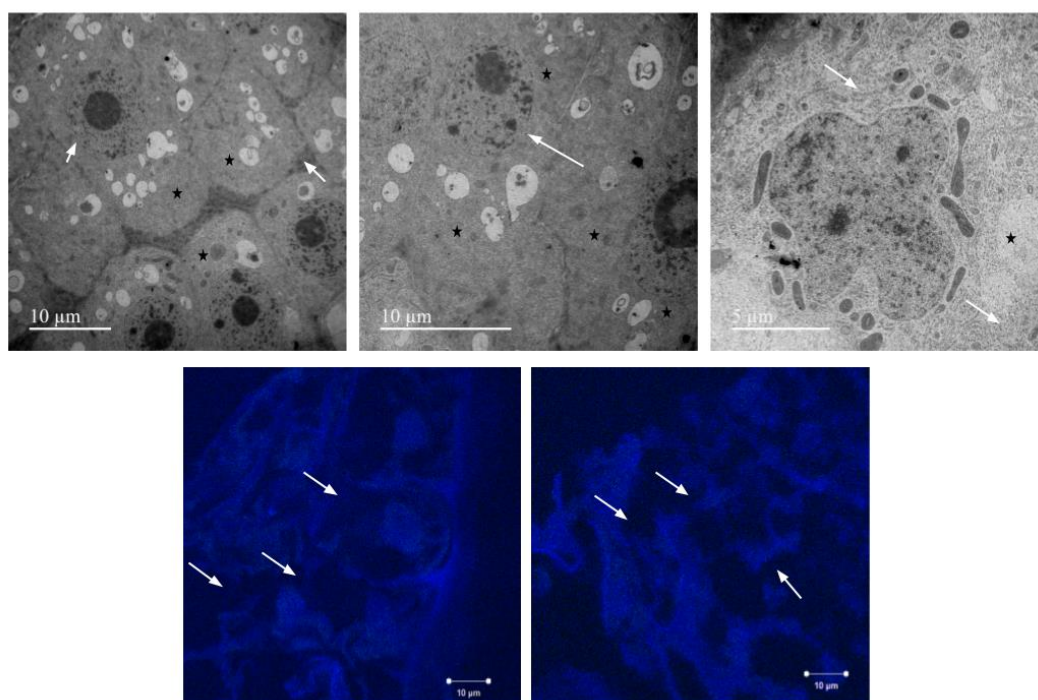


Figura 8. Microscopia confocal do ápice radicular da linhagem sensível (1877-3) sob estresse osmótico. Células do tecido vegetal em processo de necrose. As setas indicam fragmentação e descontinuidade das membranas celulares, evidenciando perda da integridade estrutural e colapso celular desorganizado comprometendo a viabilidade do tecido radicular.

5.6. Análise do perfil proteômico de linhagens de milho-pipoca sob estresse osmótico

5.6.1 Distribuição de proteínas diferencialmente acumuladas

A análise da proteômica comparativa foi realizada entre condição de estresse osmótico (S) / condição controle (C), separadamente para as linhagens tolerantes (T) e sensível (S).

Na parte aérea, foram identificadas um total de 616 proteínas diferencialmente acumuladas (DAPs) na linhagem tolerante e 875 na linhagem sensível, das quais 432 DAPs foram compartilhadas entre ambas as linhagens (Figura 9A). No sistema radicular, 503 DAPs foram identificadas na linhagem tolerante, enquanto apenas 179 DAPs foram observadas na linhagem sensível. Destas, 90 foram compartilhadas entre ambas as linhagens (Figura 9B).

A análise das DAPs co-reguladas em ambas as linhagens revelou uma separação consistente entre as condições ambientais, indicando que o estresse osmótico exerce forte influência sobre o perfil proteômico de ambos os tecidos. Em ambos os casos foi observada a formação de clusters de proteínas com padrões contrastantes entre os ambientes (Figura 9 C-D). No sistema radicular, o heatmap evidenciou a formação de um cluster de DAPs com maior acúmulo relativo na condição de estresse na linhagem tolerante, em comparação à linhagem sensível (Figura 9D).

5.6.2 Enriquecimento funcional de vias metabólicas

A análise funcional de enriquecimento de vias KEGG sob estresse osmótico revelou, em ambas as regiões da planta, o envolvimento de vias de metabolismo energético e biossíntese de metabólitos secundários (Figura 10). Na parte aérea, tanto na linhagem tolerante quanto no sensível, foi identificada maior representatividade de proteínas associadas à biossíntese de aminoácidos e ao processamento de proteínas no retículo endoplasmático (Figura 10 A-B). No sistema radicular, a linhagem sensível apresentou maior enriquecimento de proteínas relacionadas a vias de aminoácidos e aminoaçúcares, enquanto o tolerante apresentou maior enriquecimento de proteínas em rotas centrais ligadas ao metabolismo energético (Figura 10 C-D).

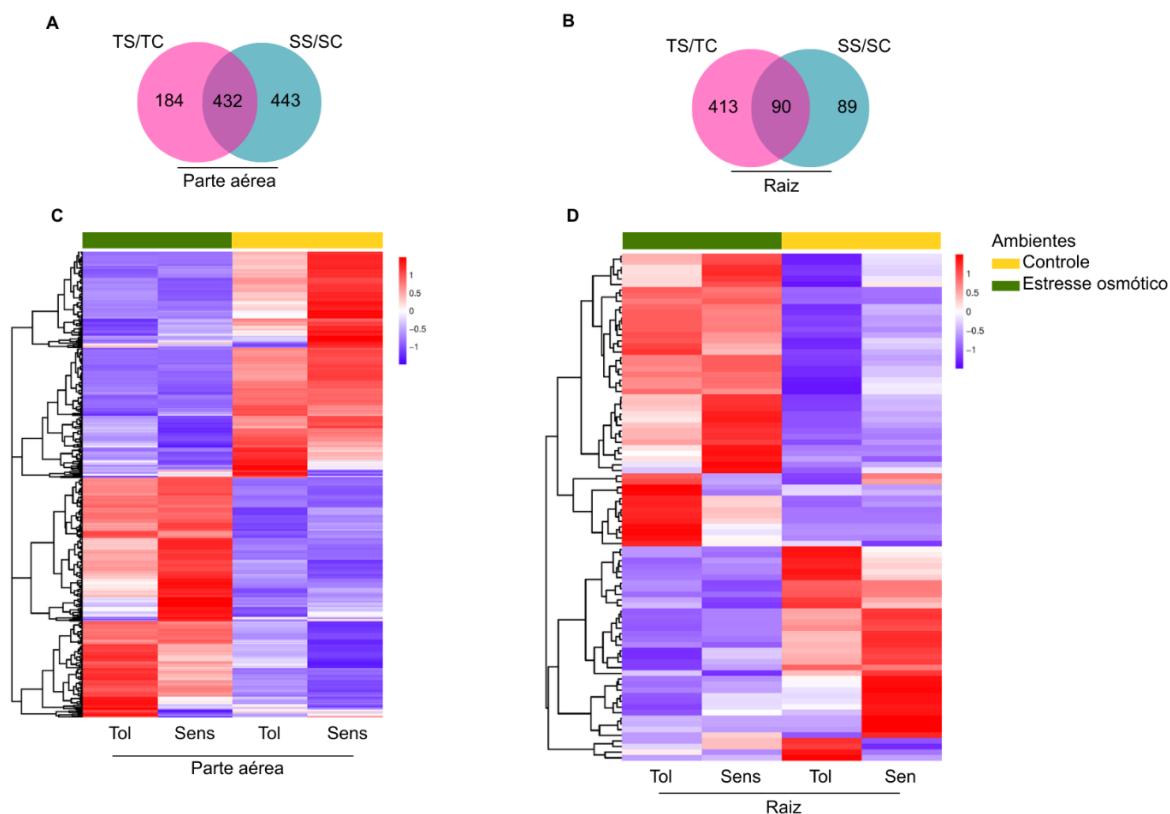


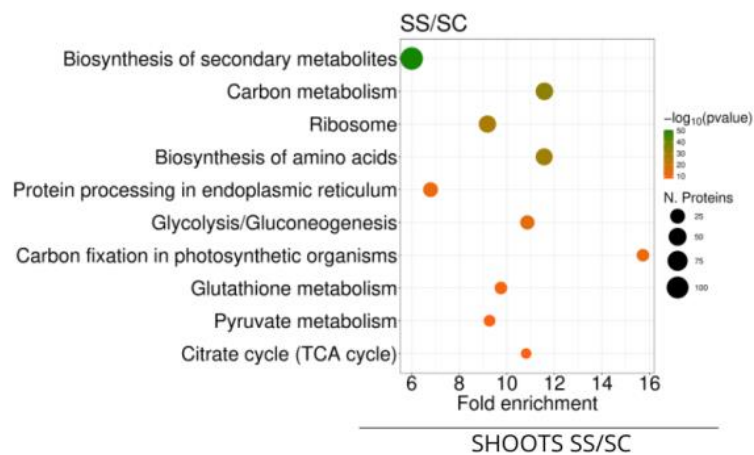
Figura 9. Análise proteômica comparativa em (A) parte aérea e (B) raízes de linhagens contrastantes de milho-pipoca sob condição de estresse osmótico. Comparação entre a linhagem tolerante (1824-2) sob estresse osmótico (TS) e condição controle (TC), e a linhagem sensível (1877-3) sob estresse osmótico (SS) e condição controle (SC). Tol: tolerante; Sens: sensível.

5.6.3 Rede de interação proteína-proteína (PPI)

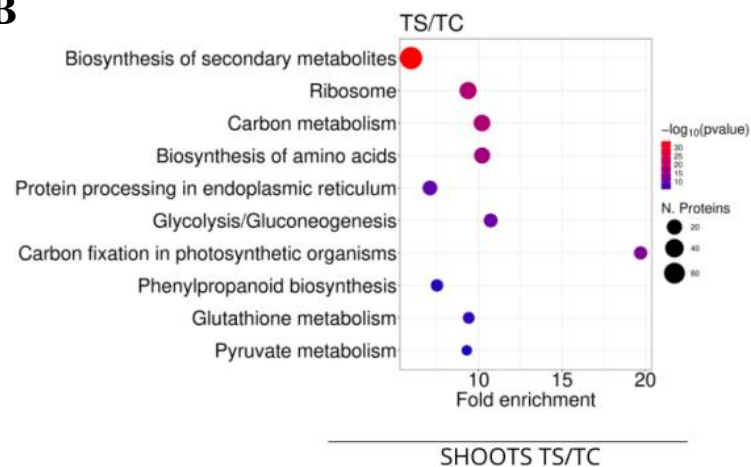
Por meio da análise de PPI das DAPs presentes no sistema radicular, foi possível identificar a formação de clusters de interação em ambas as linhagens. Na rede de PPI da linhagem tolerante foi observada a formação de nove grandes clusters, compreendendo ribossomo, metabolismo de carbono, complexo proteassomo, transporte de RNA, aminoacetilação do tRNA, metabolismo de aminoácidos e nucleotídeos-açúcares, membrana de vesícula revestida por COPI, transporte de prótons e processamento de proteínas no retículo endoplasmático (Figura 11). Já na linhagem sensível foi observada a formação de quatro principais clusters, compreendendo ribossomo, metabolismo de aminoácidos, metabolismo de carbono e biossíntese de fenilpropanoides (Figura 12).

A partir do cluster “Processamento de proteínas no retículo endoplasmático” na linhagem tolerante, analisaram-se as interações de primeiro grau entre as DAPs. Foi evidenciada uma forte associação entre o complexo de chaperonas moleculares de calreticulina/calnexina e proteínas de choque térmico (HSPs), cujo acúmulo aumentou sob estresse osmótico (Figura 13)

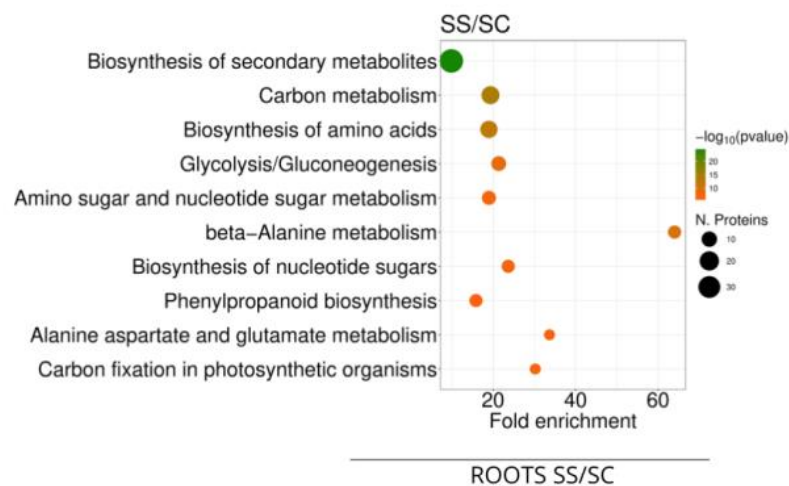
A



B



C



D

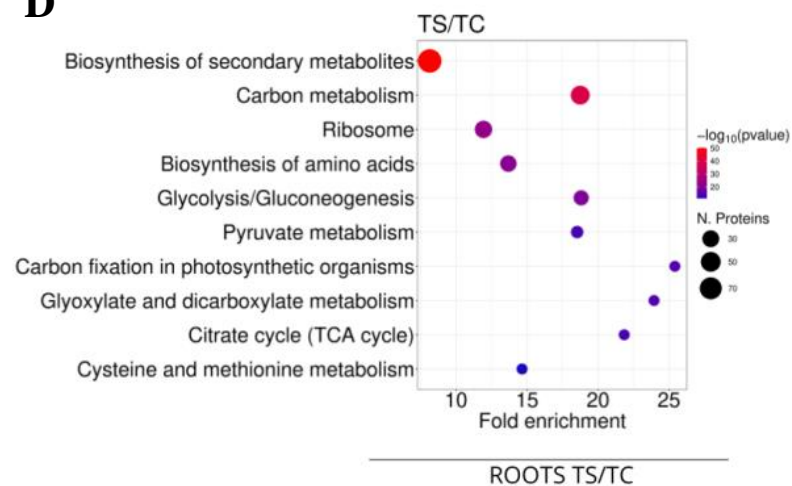


Figura 10. Análise de enriquecimento de vias KEGG. Parte aérea (A-B) e no sistema radicular (C-D) das linhagens sensível (SS) e linhagem tolerante (TS), comparando as condições de estresse osmótico/controle. ($P < 0,01$).



Figura 11. Clusterização através do *plugin* MCODE da rede de interação proteína-proteína (PPI) das DAPs do sistema radicular da linhagem tolerante (1824-2), comparando as condições de estresse osmótico/controlé (TS/TC). Score de confiança > 0,7; p < 0,01.

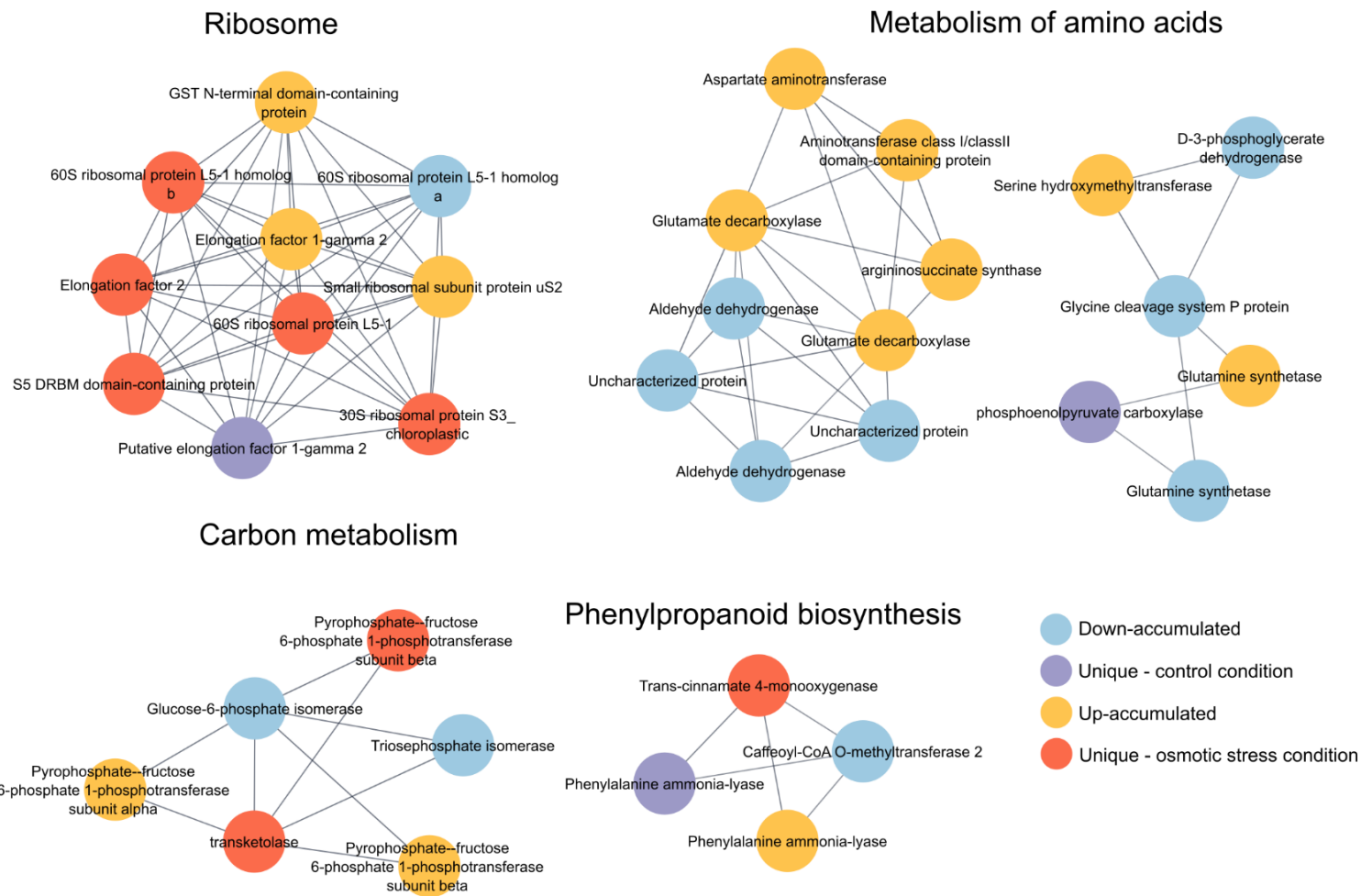


Figura 12. Clusterização através do plugin MCODE da rede de PPI das DAPs do sistema radicular da linhagem sensível (1877-3), comparando as condições de estresse osmótico/controlado (SS/SC). Score de confiança > 0,7; p < 0,01.

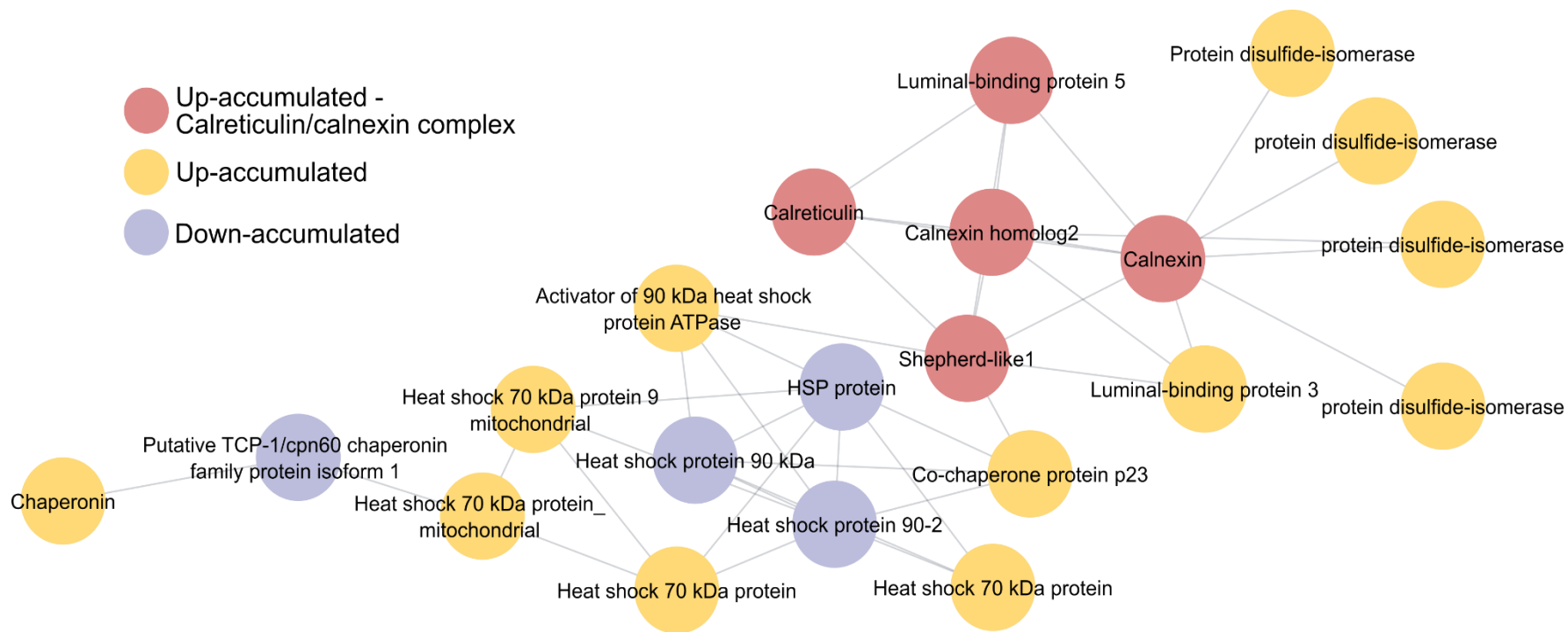


Figura 13. Rede de interação proteína-proteína (PPI) do complexo calreticulina/calnexina das DAPs sistema radicular da linhagem tolerante (1824-2) a partir da comparação entre as condições de estresse osmótico/controle (TS/TC). Score de confiança > 0,7; p < 0,01

5.6. Identificação de biomarcadores chave de tolerância ao estresse osmótico

A partir do perfil proteômico comparativo, foi possível destacar potenciais proteínas biomarcadoras para o melhoramento de milho-pipoca visando tolerância ao estresse osmótico durante a fase de germinação e estabelecimento de plântulas. Estas proteínas apresentam maior acúmulo ou expressão exclusiva na condição de estresse na linhagem tolerante (1824-2). Entre as proteínas identificadas, destacam-se aquelas associadas à osmoproteção, vias de sinalização de ácido abscísico (ABA) e de ácido jasmônico (JA), processos de expansão celular e ao sistema de defesa antioxidante (Tabelas 3 e 4).

Tabela 3. Potenciais proteínas biomarcadoras identificadas em raízes da linhagem tolerante (comparação TS/TC) de milho-pipoca sob condição de estresse osmótico.

Categoria	ID	Função	TS/TC	SS/SC
Sinalização	K7WBY4	Abscisic acid receptor (PYR1)	Única estresse	UNCHANGED
	A0A1D6N932	Osmotin-like protein (OSM34)	Única estresse	UNCHANGED
	A0A1D6MXK3	Jasmonate-induced protein (JIP)	UP	UNCHANGED
	B4FSG4	Jasmonate-induced protein (JIP)	UP	UNCHANGED
	A0A1D6MXJ8	Jasmonate-induced protein (JIP)	Única estresse	UNCHANGED
	A0A804N5U4	Jasmonate-induced protein (JIP)	UP	UNCHANGED
Chaperonas moleculares	B6TNF1	Calnexin	UP	UNCHANGED
	B4FAK8	Calnexin homolog2	UP	UNCHANGED
	Q9SP22	Calreticulin	UP	UNCHANGED
	B4F848	Chaperonin	UP	UNCHANGED
	A0A1D6GWE1	Shepherd-like1	Única estresse	UNCHANGED
	A0A804PDW7	Luminal-binding protein 5	UP	UNCHANGED
	O24581	Luminal-binding protein 3	UP	UNCHANGED
Expansão Celular	B4FRM9	Expansin-B4	UP	UNCHANGED
	A0A804LNA1	Expansin-B4	Única estresse	UNCHANGED
	B4FSL7	Beta-expansin 1a	Única estresse	UNCHANGED
Enzimas detoxificadoras de ROS	B6SKA0	Glutathione transferase	UP	UNCHANGED
	B6TL20	Glutathione transferase	UP	UNCHANGED
	B4G031	L-ascorbate peroxidase	Única estresse	UNCHANGED

Tabela 4. Potenciais proteínas biomarcadoras identificadas na parte aérea da linhagem tolerante (comparação TS/TC) de milho-pipoca sob condição de estresse osmótico.

Categoria	ID	Função	TS/TC	SS/SC
Sinalização	K7TFB6	ABA-responsive protein	UP	UP
	A0A804PHY0	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	UP	UP
	B6TIP7	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	UP	UP
	A0A1D6MXJ8	Jasmonate-induced protein (JIP)	UP	UP
	A0A1D6MXK3	Jasmonate-induced protein (JIP)	UP	UP
	A0A804N5V0	Jasmonate-induced protein (JIP)	UP	UNCHANGED
Chaperonas moleculares	B4FAK8	Calnexin homolog2	UP	UP
	A0A1D6GWE	Shepherd-like1	UP	UP
Expansão Celular	B4F9D5	Chitinase	UP	UP
	A0A804PV51	Chitinase	UP	UNCHANGED
Enzimas detoxificadoras de ROS	A2SZW8	1-Cys peroxiredoxin PER1	UP	UP
	B4FT31	Glutathione dehydrogenase (ascorbate)	UP	UP
	B4F817	Glutathione dehydrogenase (ascorbate)	UP	UNCHANGED
	A0A804LD07	Catalase	Única estresse	UNCHANGED

6. DISCUSSÃO

6.1. O estresse osmótico reduz o vigor e o crescimento inicial, limitando o potencial germinativo de milho-pipoca

A exposição das sementes de milho-pipoca ao estresse osmótico promoveu alterações fenotípicas associadas aos mecanismos de respostas do desenvolvimento inicial das plântulas de todas as linhagens observadas. Os resultados obtidos para germinação e crescimento das plântulas estão em consonância com o padrão de seleção de linhagens descrito por Ribeiro *et al.* (2024). Foram observadas reduções do comprimento da parte aérea e das raízes laterais sob estresse osmótico (Tabela 1; Figura 1), destacando o comprometimento do crescimento vegetativo.

Em contraste ao padrão geral de sensibilidade, a linhagem tolerante (1824-2) apresentou maior desenvolvimento do sistema radicular, mantendo as raízes primárias mais longas mesmo sob estresse osmótico, sugerindo uma estratégia adaptativa que facilita o acesso à água em camadas mais profundas do solo, favorecendo a sobrevivência em condições adversas. Resultados similares foram observados em diversas espécies, incluindo milho, trigo e pistache (Marcínska *et al.*, 2013; Khoyerdi *et al.*, 2016; Terletskaia *et al.*, 2020; Osku *et al.*, 2025). Esses estudos revelam uma associação consistente entre atributos do sistema radicular, como maior massa, comprimento e área de superfície e, conseqüentemente, maior capacidade das plantas de tolerar condições de escassez hídrica.

A análise comparativa dos índices de germinação e desenvolvimento revelou que a linhagem tolerante manteve um desempenho superior sob estresse osmótico, registrando os valores mais elevados para *IVG_D2*, *CSR*, *TTR*, *MFPA* e *MSPA* (Tabela 1). Esses resultados sugerem maior capacidade de preservar a integridade morfofisiológica e de manter padrões de desenvolvimento semelhantes aos observados na condição controle. Em contraste, a linhagem sensível (1877-3) apresentou os maiores valores de *PPA*, refletindo em sensibilidade fisiológica e desenvolvimento comprometido sob estresse osmótico. A análise dessas características reforça sua importância morfofisiológica e fornece uma estratégia viável para a seleção e desenvolvimento de linhagens tolerantes à seca, melhorando o estabelecimento de plântulas e a produtividade das culturas em ambientes com disponibilidade hídrica limitada (LI et al., 2021; Mohi-ud-din et al., 2021; Wirojsirasak et al., 2024; Fazeli-Nasab et al., 2025).

De acordo com a morfologia do ápice radicular das linhagens contrastantes, o padrão observado na condição de estresse osmótico sugere que a linhagem tolerante apresenta características radiculares que permitem uma maior capacidade de exploração da raiz em camadas mais profundas do solo para aquisição de água, sendo um mecanismo funcional chave para a tolerância à seca (Figura 1). Em contrapartida, a linhagem sensível apresenta modificações típicas induzidas pelo estresse na zona meristemática e de alongamento que limitam o crescimento radicular (Figura 2).

Em cereais sensíveis, a seca prejudica a atividade meristemática e o alongamento radicular, reduzindo o comprimento e a biomassa das raízes (Hussain et al., 2020; Keya et al., 2024). Esse comprometimento do sistema radicular limita severamente a capacidade de explorar água em camadas mais profundas do solo, o que, por sua vez, resulta diretamente em menor biomassa e produtividade da parte aérea (Chen et al., 2017; Fang et al., 2017; Fang et al., 2024).

O espessamento tecidual e a produção de mucilagem no ápice radicular são respostas ao estresse que, embora possam restringir a expansão celular (Ramireddy et al., 2018; Keya et al., 2024), desempenham papéis funcionais cruciais. A mucilagem forma uma matriz gelatinosa que mantém a continuidade da fase líquida na rizosfera, facilitando a absorção de água em condições de baixa disponibilidade hídrica e conferindo estabilidade mecânica ao solo (Carminati et al., 2017). Em plantas de arroz em condição de estresse salino, a rápida secreção de

mucilagem é uma resposta inicial ao estresse, protegendo o tecido radicular e influenciando o crescimento da raiz (Ninmanont et al., 2023). Além disso, a mucilagem modula a resposta estomática da planta ao estresse hídrico, ajudando a manter a transpiração e o potencial hídrico foliar sob condições de seca do solo e do ar (Cai et al., 2025).

Dessa forma, o espessamento e produção de mucilagem observados na linhagem sensível podem representar uma tentativa compensatória para proteger o ápice e manter a absorção de água. No entanto essa resposta parece ser insuficiente ou até prejudicial para o alongamento radicular a longo prazo. Em contraste, a arquitetura preservada na linhagem tolerante sugere um equilíbrio mais eficiente, onde mecanismos de proteção celular não comprometem a capacidade exploratória da raiz.

Os resultados da ANOVA apontam efeitos significativos da linhagem e da interação linhagem x ambiente (GxA), especialmente para os atributos *IVG_D2* e *TTR* (Tabela 2). A presença dessa interação é de grande relevância para o melhoramento, pois indica que a expressão do potencial genético para tolerância depende do ambiente. Isso valida a estratégia de identificar linhagens superiores diretamente sob estresse osmótico, uma vez que a seleção em condições ideais não prediz, de forma confiável, o comportamento em condições de déficit hídrico. Em híbridos de milho sob déficit hídrico, foi observada redução da porcentagem e velocidade de germinação, do comprimento radicular e da parte aérea e do vigor das sementes, sendo a magnitude desses efeitos influenciada pela variação genotípica (Khodarahmpour, 2011). Esse resultado ressalta o papel fundamental da variabilidade genética na resposta ao estresse, indicando que os mecanismos de tolerância são intrinsecamente dependentes do material genético.

6.2 A tolerância ao estresse osmótico em milho-pipoca é sustentada por uma arquitetura radicular preservada, reajuste tecidual e integridade celular e organelar

A análise micromorfológica revelou que a preservação do ápice radicular é uma característica distinta associada à tolerância ao estresse osmótico (Figura 3). Enquanto a linhagem sensível exibiu severa descamação superficial e comprometimento da integridade celular, sugerindo um prejuízo no crescimento apical, a linhagem tolerante manteve a morfologia do ápice visivelmente

preservada. Essa capacidade de manutenção da arquitetura tecidual sob estresse provavelmente sustenta maior eficiência na absorção de água e no alongamento celular. Os resultados corroboram estudos que demonstram que estresses osmóticos e mecânicos induzem distorções celulares e desorganização do citoesqueleto, comprometendo a função do ápice radicular (Potocka et al., 2018; Bogoutdinova et al., 2020).

Portanto, os danos radiculares observados na linhagem sensível reforçam a hipótese de que a falha em proteger esta região meristemática é um componente-chave para a sensibilidade ao estresse hídrico. Nesse contexto, o presente trabalho demonstra que a integridade micromorfológica do ápice radicular constitui um marcador estrutural da osmotolerância, integrando a organização celular ao desempenho fisiológico inicial das plântulas, sendo essencial para a adaptação precoce ao estresse (Mahmood et al., 2019; Zhao et al., 2025). Esses resultados ampliam a compreensão dos mecanismos celulares associados à tolerância à seca e fornecem subsídios relevantes para programas de melhoramento genético voltados ao desenvolvimento de cultivares adaptadas às mudanças climáticas.

Em nível de organização tecidual, a linhagem tolerante manteve os espaços intercelulares preservados e a integridade da epiderme, características que favorecem o crescimento radicular contínuo e a absorção de água em condições de estresse osmótico (Figura 4). Em contrapartida, a linhagem sensível exibiu desorganização tecidual e colapso celular, indicando maior sensibilidade e um comprometimento funcional do sistema radicular (Figura 4). Os dados demonstram uma correlação consistente entre o desempenho germinativo e a integridade da arquitetura radicular inicial, reforçando o papel fundamental da organização tecidual para a tolerância ao estresse osmótico em milho-pipoca. A arquitetura radicular é um determinante crítico da resiliência, uma vez que características como a formação de aerênquimas e a organização cortical favorecem a exploração do solo e a manutenção da homeostase hídrica em condições adversas (Vanhess et al., 2020; Hazman et al. 2022).

A tolerância ao estresse osmótico está diretamente associada à integridade das estruturas celulares em nível ultraestrutural conforme evidenciado pelas análises de microscopia eletrônica de transmissão (Figuras 5 e 6). A linhagem tolerante manteve paredes celulares bem definidas, células predominantemente isodiamétricas e citoplasma denso, tanto na condição controle quanto sob estresse,

indicando conservação da compartimentalização intracelular e da funcionalidade metabólica (Figura 5).

As reentrâncias na membrana plasmática refletem ajustes estruturais adaptativos, enquanto a manutenção da lamela média bem definida contribui para a estabilidade mecânica do tecido. Lamelas médias espessadas aumentam a resistência e a elasticidade da parede celular, prevenindo o colapso sob estresse osmótico (Chavan et al., 2023).

Um aspecto central da tolerância observada na linhagem tolerante foi a preservação do vacúolo e, sobretudo, do tonoplasto. O vacúolo é essencial para manter a homeostase osmótica e a turgescência celular, armazenando água, íons e metabólitos, sendo o tonoplasto fundamental na regulação do transporte através desse compartimento (Reisen et al., 2005; Zhou et al., 2024). Essa funcionalidade é essencial para sustentar o formato isodiamétrico das células em estresse, evitando colapso celular e retração do protoplasto.

Em contraste, a linhagem sensível apresentou severas alterações ultraestruturais sob estresse osmótico, incluindo degradação da cromatina, extravasamento de componentes celulares e ruptura do tonoplasto (Figura 6). A perda da integridade do tonoplasto compromete a compartimentalização vacuolar, desestabiliza o equilíbrio osmótico e resulta na perda de turgor e no colapso celular, caracterizando um processo de necrose associado ao vazamento do conteúdo vacuolar para o citoplasma (Rastogi et al., 2000). Em células da região meristemática radicular esse processo tem sido descrito em associação ao aumento vacuolar seguido pelo colapso do tonoplasto, configurando um mecanismo de morte celular induzido por estresse severo (Duan et al., 2010).

A degradação nuclear observada na linhagem sensível indica falha nos mecanismos de proteção e manutenção da integridade do DNA, resultando em morte celular desorganizada. Esse comprometimento é consistente com evidências de que o estresse osmótico pode induzir danos ao DNA e comprometer a estabilidade genômica (Kültz e Chakravarty, 2001), o que explica o prejuízo no crescimento radicular e o baixo desempenho fisiológico previamente observado nessa linhagem.

Por outro lado, os padrões de morte celular observados por microscopia confocal sob estresse osmótico, foram determinantes para compreender a maior tolerância da linhagem 1824-2. Nessa linhagem, a ocorrência de apoptose ou morte

celular programada, representa uma estratégia adaptativa e protetiva do tecido radicular (Figura 7).

A morte celular programada está ligada a vias de sinalização retrógradas e a pontos de verificação de danos ao DNA, os quais coordenam a parada ou morte do ciclo celular evitando a propagação do material genético danificado (Yang et al., 2014; Pedroza-García et al., 2021). Esse processo é desencadeado pelos estresses abióticos através do acúmulo de EROs, que atuam como moléculas sinalizadoras para iniciar a morte celular programada e proteger a planta isolando as células danificadas (Petrov et al., 2015; Ye et al., 2021), sem comprometer a integridade funcional do ápice radicular.

Além disso, na linhagem tolerante foi observado o encolhimento inicial do citoplasma, uma marca registrada de eventos precoces de morte celular programada. Esse encolhimento citoplasmático promove o isolamento das células danificadas impedindo a disseminação de lesões nas células vizinhas, mantendo a estabilidade nuclear e o crescimento radicular. Além disso, respostas associadas ao estresse do RE regulam essa morte celular controlada, favorecendo a tolerância ao estresse osmótico ao modular o equilíbrio entre vias de sobrevivência e morte celular (Reis et al., 2016; Zhao et al., 2021).

Em contrapartida, a linhagem sensível apresentou um quadro severo de necrose, caracterizado por colapso metabólico generalizado (Figura 8). Ao contrário da morte celular programada, a necrose é descontrolada e prejudicial, muitas vezes associada a vários estresses e danos celulares (Doorn et al., 2011; Sychta et al., 2021). A morte celular desorganizada compromete a homeostase das células adjacentes, desencadeando um efeito em cascata que leva à desestruturação tecidual, compatível com o espessamento e a descamação apical observados macroscopicamente.

Linhagens sensíveis tendem a exibir maior desestruturação de membranas, acúmulo de vesículas e ativação de vias associadas à morte celular programada (Simoni et al., 2022). Alterações ultraestruturais semelhantes já foram relatadas em outras culturas, onde a capacidade de preservar a integridade das membranas e limitar o dano oxidativo está diretamente relacionada à tolerância ao estresse osmótico (Ulhassan et al., 2021; Eskikoy et al., 2024).

Portanto, nossos resultados evidenciam que a tolerância ao estresse osmótico em milho-pipoca está ancorada na preservação da integridade

ultraestrutural. A capacidade de manter a organização celular e organelar, especialmente a integridade do tonoplasto, crucial para o turgor celular e equilíbrio osmótico, e a estabilidade das membranas celulares, fundamenta uma resposta coordenada conferindo resiliência à planta. Desse modo, genes envolvidos em mecanismos de proteção celular podem ser alvo de seleção em programas de melhoramento para tolerância à seca.

6.3. A tolerância ao estresse osmótico em milho-pipoca é sustentada por uma resposta molecular sinérgica e tecido-específica

A análise integrada dos dados morfofisiológicos, ultraestruturais e proteômicos revela que a tolerância ao estresse osmótico em milho-pipoca é governada por mecanismos celulares e moleculares distintos.

A partir da análise proteômica comparativa foi possível observar um padrão de resposta ao estresse tecido-específico (Figura 9). Enquanto a linhagem sensível acumula um maior número de DAPs na parte aérea, indicando um perfil de resposta mais desorganizado e menos eficiente, com dissipação de energia em vias metabólicas incapazes de conter os danos celulares, a resposta da linhagem tolerante foi mais pontual e eficaz, concentrando as alterações moleculares no sistema radicular. O maior acúmulo de DAPs nesse órgão-chave reflete uma estratégia direcionada e localizada, que prioriza a adaptação justamente no tecido responsável pela percepção do estresse e pela absorção de água.

A análise funcional de vias metabólicas nas raízes revelou mecanismos distintos entre as linhagens. Enquanto na linhagem sensível na condição de estresse, foram enriquecidas vias do metabolismo de aminoácidos e aminoaçúcares, o tolerante priorizou vias centrais de produção de energia, como glicólise/gliconeogênese e ciclo do TCA (Figura 10C-D). Esse padrão sugere um remapeamento eficiente do metabolismo energético na raiz. Além disso, a presença de um maior número de clusters envolvidos em diversos processos metabólicos na linhagem tolerante (Figura 10D) sustenta esta hipótese. Em milho, a regulação positiva dessas vias sob estresse é reconhecida por intensificar o metabolismo energético, sustentar o crescimento radicular e a estabilidade celular (Zeng et al., 2019). Além disso, a disponibilidade de glicose favorece o acúmulo de intermediários do ciclo do TCA, como citrato e malato, indicando uma produção ativa de energia tanto durante a germinação, quanto em respostas ao estresse

(Lara-Núñez et al., 2025). Dessa forma, os dados sugerem que a tolerância está vinculada a uma adaptação metabólica ativa que direciona recursos para a produção de energia na fonte primária do estresse osmótico.

A análise funcional de enriquecimento das vias KEGG na parte aérea revelou a ativação de vias relacionadas à biossíntese de aminoácidos e ao processamento de proteínas no retículo endoplasmático (RE) em ambas as linhagens (Figura 10A–B). Essas vias desempenham papel central na manutenção da homeostase celular e no controle de qualidade das proteínas, especialmente em condições de estresse. Sendo essas, as mais enriquecidas durante diversas respostas fisiológicas e de estresse, refletindo seu papel central no metabolismo e na adaptação celular (Liu et al., 2023; Abudabos et al., 2025).

Nesse contexto, as diferenças metabólicas observadas entre as linhagens contrastantes refletem diretamente na integridade celular. A análise de microscopia confocal revelou que a linhagem sensível sofreu danos severos ao retículo endoplasmático, culminando em necrose (Figura 8). Em contraste, a linhagem tolerante demonstrou capacidade de mitigar esses danos, indicando mecanismos moleculares de proteção celular. A análise de redes de PPI na linhagem tolerante revela justamente uma forte conexão funcional entre chaperonas do retículo endoplasmático, como calreticulinas e calnexinas, e proteínas de coque térmico (HSPs) (Figura 13). Essa rede coesa sugere uma resposta eficiente para garantir o dobramento correto das proteínas e aliviar o estresse no retículo endoplasmático, garantindo a homeostase proteica (Reyes-Impellizzeri et al, 2021), o que pode explicar a maior preservação ultraestrutural observada.

As proteínas da família *HSP70* são induzidas pelo estresse osmótico e contribuem para a tolerância ao promover a expressão de genes de resposta ao estresse e reduzir o acúmulo de EROs, protegendo as células contra danos oxidativos (Ding et al., 2022). Além disso, proteínas localizadas no retículo endoplasmático interagem com *HSP70* e *HSP90*, regulando vias de sinalização relacionadas ao estresse e ao desenvolvimento, influenciando a adaptação das plantas (Dittmer et al., 2021). A chaperona HSP90 do retículo endoplasmático é essencial para a manutenção da homeostase do retículo e resistência ao estresse, com suas regiões regulatórias modulando sua atividade e estabilidade (Noureddine et al., 2025). Assim, a ação integrada de HSPs e chaperonas do retículo endoplasmático é fundamental para preservar a integridade celular constituindo

elementos-chave nos mecanismos de tolerância ao estresse osmótico em milho-pipoca.

Para além da proteção celular imediata, a análise também revelou um nível regulatório superior de coordenação da resposta ao estresse osmótico, sendo possível destacar potenciais proteínas-alvo para o melhoramento genético (Tabelas 3 e 4). Na linhagem tolerante, o acúmulo de proteínas osmoprotetoras, como a *Osmotin-like protein* (A0A1D6N932, *OSM34*) e de sinalização hormonal, como *Abscisic acid receptor* (K7WBY4, *PYR1*) e *Jasmonate-induced protein* (A0A1D6MXK3, B4FSG4, A0A1D6MXJ8, A0A804N5U4; *JIPs*) nas raízes sugere uma integração funcional entre os mecanismos de ajuste osmótico e de regulação hormonal em resposta ao estresse. A *OSM34* atua como reguladora positiva na via de ABA (Park e Kim, 2021), enquanto proteínas como *PYR1* e *JIPs* funcionam como receptor primário de ABA e componentes reguladores da via de JA, respectivamente (Bhatla e Manju, 2018; De Brasi-Velasco Et Al., 2023).

A detecção das proteínas envolvidas em sinalização hormonal como o receptor de ABA *PYR1* e as proteínas induzidas por jasmonato (*JIPs*), associadas à presença da *OSM34*, que atua como reguladora positiva da via do ABA, indica uma integração funcional entre as vias do ABA e do JA. O ABA desempenha um papel central na tolerância à seca ao regular o movimento estomático (ZHAO *et al.*, 2022), enquanto o JA contribui para o fechamento estomático e a redução da perda de água por transpiração sob estresse hídrico (Hossain *et al.*, 2011; Daszkowska-Golec *et al.*, 2013).

Chaperonas moleculares como as calnexinas, calreticulinas e chaperoninas, desempenham papel central na manutenção da homeostase celular sob déficit hídrico, ao auxiliar o enovelamento adequado de proteínas e o controle de qualidade no retículo endoplasmático (Niu *et al.*, 2024). Na linhagem tolerante, essa rede de chaperonas e proteínas de choque térmico (HSPs) provavelmente contribui para mitigar danos ultraestruturais, prevenindo o colapso do RE e a morte celular programada observada na linhagem sensível.

Paralelamente, o acúmulo de proteínas associadas ao remodelamento da parede celular, como a *Expansin-B4* e a *Beta-expansina 1a*, favorece o afrouxamento da parede e os ajustes no crescimento radicular, contribuindo para uma absorção de água mais eficiente e para a adaptação das plantas às condições de seca (Mi *et al.*, 2023).

A atuação coordenada desses mecanismos estruturais e de proteção celular estabelece o alicerce fisiológico necessário para a integração das vias de sinalização hormonal. Isso permite que os sinais mediados por ácido abscísico (ABA) e ácido jasmônico (JA) sejam percebidos por receptores específicos, como o *PYR1* e por reguladores como a *OSM34*, sendo amplificados de forma sinérgica. Essa resposta adaptativa eficiente se traduz na preservação do vigor e na manutenção da arquitetura radicular, garantindo a resiliência da planta frente ao estresse osmótico.

Em trigo e batata-doce, o JA frequentemente atua a montante do ABA e a ação conjunta desses hormônios é essencial para a tolerância ao déficit hídrico, favorecendo maior atividade de enzimas antioxidantes e reduzindo danos celulares (Wang et al., 2020; He et al., 2025). De modo similar, em arroz, a regulação coordenada do ABA induz a expressão de genes da biossíntese de JA, promovendo tolerância ao estresse salino (Han et al., 2023). Portanto, a expressão coordenada dessas proteínas na linhagem tolerante sugere um mecanismo integrado de mitigação do estresse osmótico, no qual osmoprotetores contribuem para a preservação da homeostase hídrica celular, criando condições para que as vias de ABA e JA modulem eficientemente a resposta fisiológica da planta.

Além da sinalização hormonal, a eficiência do sistema de defesa antioxidante é um pilar fundamental para a osmotolerância, conforme evidenciado pelo acúmulo de enzimas detoxificadoras de ROS nas raízes da linhagem tolerante, como a *Glutathione transferase* e a *L-ascorbate peroxidase*. A expressão e atividade aumentadas dessas enzimas têm sido associadas à melhoria da tolerância ao estresse, protegendo a integridade da membrana e sustentando as funções metabólicas em condições de baixo potencial hídrico (Hasanuzzaman et al., 2019; Hajnal et al., 2025). Esse mecanismo molecular está diretamente correlacionado aos dados de microscopia, pois a presença dessas enzimas na linhagem tolerante garante a preservação da integridade ultraestrutural, mantendo membranas plasmáticas e organelas íntegras.

A manutenção do desenvolvimento da parte aérea em condições de déficit hídrico é favorecida por enzimas antioxidantes como a *1-Cys peroxirredoxina PER1*, a *catalase* e a *glutathione desidrogenase*, que, em conjunto, mitigam o estresse oxidativo por meio da desintoxicação de espécies reativas de oxigênio (ROS). A ação combinada dessas enzimas garante a homeostase redox celular, prevenindo

a peroxidação lipídica e danos às proteínas, sustentando assim o crescimento e o desenvolvimento durante o estresse hídrico (Sofo et al., 2015; Calabrese et al., 2019). Essa rede antioxidante é crucial para que a linhagem tolerante mantenha níveis mais elevados de biomassa e função fisiológica em condições de baixo potencial hídrico.

7. CONCLUSÃO

O presente estudo caracterizou, de forma integrada, as respostas moleculares e celulares ao estresse osmótico em milho-pipoca. Por meio de uma abordagem multidisciplinar, foi possível identificar as assinaturas específicas que conferem tolerância ou sensibilidade ao déficit hídrico durante a germinação e o estabelecimento inicial das plântulas de milho-pipoca.

A linhagem 1824-2 foi caracterizada como a mais tolerante na condição de estresse osmótico por apresentar uma estratégia adaptativa robusta, sustentada por maior vigor germinativo, acúmulo de biomassa e integridade radicular, sugerindo um mecanismo que facilita a busca por água em camadas profundas do solo.

Em nível histológico e ultraestrutural, essa linhagem apresentou tecidos do ápice radicular com estrutura cortical organizada, epiderme contínua e preservada, além da presença de espaços intercelulares. Além disso, apresentou organelas e sistemas de membranas íntegros, presença de lamela média e estratégia protetiva de morte celular programada.

Em nível molecular, observou-se maior envolvimento de proteínas associadas ao metabolismo energético no sistema radicular, em rotas centrais como a glicólise e o ciclo do ácido cítrico (TCA), além de uma rede eficiente de chaperonas moleculares (*calreticulinas*, *calnexinas* e *HSPs*), sugerindo a proteção contra o colapso do retículo endoplasmático. Essa resposta é coordenada por uma sinalização sinérgica entre as vias do ácido abscísico (ABA) e ácido jasmônico (JA),

evidenciada pelo acúmulo de biomarcadores como o receptor *PYR1* e proteínas *JIP*.

Em contraste, a linhagem 1877-3, apresentou maior desorganização tecidual do ápice radicular, colapso celular e compactação cortical, resultando na perda de turgor e falha na proteção da região meristemática. Além disso, foi evidenciado o mecanismo de necrose celular associado aos danos causados pelo estresse osmótico. Esses danos sustentam a perda de vigor germinativo e os prejuízos nos atributos morfofisiológicos nas plântulas desta linhagem na condição de estresse.

Ao contrário da linhagem tolerante, a linhagem sensível apresentou um perfil de resposta molecular desorganizado, no qual houve maior investimento na regulação de proteínas na parte aérea, em detrimento do sistema radicular. Esse resultado indica um maior gasto energético na manutenção da parte aérea do que na ativação de vias metabólicas osmoprotetoras e sinalizadoras para mitigar os danos do estresse osmótico no sistema radicular.

Portanto, conclui-se que a tolerância ao estresse osmótico em milho-pipoca é altamente coordenada e sustentada pela preservação da arquitetura celular e da integridade organelar, pela otimização eficiente do balanço energético e por uma regulação precisa de proteínas (protetoras, sinalizadoras e osmoreguladoras), de modo tecido-específico, com investimento prioritário no desenvolvimento radicular para a exploração de camadas mais profundas do solo durante o estabelecimento das plântulas.

Esses resultados fornecem bases moleculares e fisiológicas para o desenvolvimento de cultivares resilientes, configurando uma estratégia de melhoramento genético crucial para garantir a produtividade e a segurança alimentar frente à crescente escassez hídrica.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ABUDABOS, A.; HAKAMI, Z.; SULAIMAN, A.; ALJUMAAH, R.; PALOMBO, V.; ALJUMAAH, M.; D'ANDREA, M.; ALHARTHI, A.; ALHOTAN, R. RNA sequencing-based transcriptome analysis of liver in laying hens supplemented with dietary probiotic *Bacillus* species and prebiotic yeast (*Saccharomyces cerevisiae*) cell walls. **Veterinary Sciences**, v. 12, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/vetsci12090822>.
- ALVAREZ, M.; SAVOURÉ, A.; SZABADOS, L. Proline metabolism as regulatory hub. **Trends in Plant Science**, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2021.07.009>
- ARIF, Y.; SINGH, P.; SIDDIQUI, H.; BAJGUZ, A.; HAYAT, S. Salinity induced physiological and biochemical changes in plants: an omic approach towards salt stress tolerance. **Plant Physiology and Biochemistry**, v. 156, p. 64–77, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2020.08.042>
- BACETE, L.; SCHULZ, J.; ENGELSDORF, T.; BARTOSOVA, Z.; VAAHTERA, L.; YAN, G.; GERHOLD, J. M.; TICHÁ, T.; ØVSTEBØ, C.; GIGLI-BISCEGLIA, N.; JOHANNESSEN-STARHEIM, S.; MARGUERITAT, J.; KOLLIST, H.; DEHOUX, T.; MCADAM, S. A. M.; HAMANN, T. THESEUS1 modulates cell wall stiffness and abscisic acid production in *Arabidopsis thaliana*. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America** v. 119, e2119258119, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.1073/pnas.2119258119>

- BATHLA, S.; JAIDKA, M.; KAUR, R. Nutritive value. In: Maize - production and use. [S.l.]: **IntechOpen**, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.5772/intechopen.88963>
- BHATLA, S. C. Jasmonic acid. In: BHATLA, S. C. **Plant physiology, development and metabolism**. Singapore: Springer, 2018. Disponível em: https://doi.org/10.1007/978-981-13-2023-1_21
- BIJU, S.; FUENTES, S.; GUPTA, D. Silicon improves seed germination and alleviates drought stress in lentil crops by regulating osmolytes, hydrolytic enzymes and antioxidant defense system. **Plant Physiology and Biochemistry**, v. 119, p. 250-264, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0101-31222006000100020>
- BOGOUTDINOVA, L.; LAZAREVA, E.; CHABAN, I.; KONONENKO, N.; DILOVAROVA, T.; KHALILUEV, M.; KURENINA, L.; GULEVICH, A.; SMIRNOVA, E.; BARANOVA, E. Salt stress-induced structural changes are mitigated in transgenic tomato plants over-expressing superoxide dismutase. **Biology**, v. 9, 297, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/biology9090297>
- CAI, G.; AKALE, A.; DIAMANTOPOULOS, E.; LEUTHER, F.; KERSTING, L.; MCADAM, S.; LIU, S.; AHMED, M. Maize root mucilage alters stomatal responses to soil and atmospheric drought: Implications for plant water use. **Plant Physiology**, v. 199, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/plphys/kiaf510>
- CALABRESE, G.; PEKER, E.; AMPONSAH, P.; HOEHNE, M.; RIEMER, T.; MAI, M.; BIENERT, G.; DEPONTE, M.; MORGAN, B.; RIEMER, J. Hyperoxidation of mitochondrial peroxiredoxin limits H₂O₂-induced cell death in yeast. **The EMBO Journal**, v. 38, e101552, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.15252/emj.2019101552>.
- CARMINATI, A.; BENARD, P.; AHMED, M.; ZAREBANADKOUKI, M. Liquid bridges at the root-soil interface. **Plant and Soil**, v. 417, p. 1–15, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s11104-017-3227-8>
- CHAI, Q.; GAN, Y.; ZHAO, C.; XU, H. L.; WASKOM, R. M.; NIU, Y.; SIDDIQUE, K. H. M. Regulated deficit irrigation for crop production under drought stress: a

review. *Agronomy for Sustainable Development*, v. 36, n. 1, p. 3, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s13593-015-0338-6>

CHAVAN, R.; SINGH, A.; TURNER, A. Cell corner middle lamella in hydroids of dendroid moss *Hypnodendron menziesii* gametophyte is prominently thickened: a proposed role in the mechanical support function. **Planta**, v. 257, p. 1–18, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s00425-023-04101-7>.

CHEN, D.; CHAI, S.; MCINTYRE, C.; XUE, G. Overexpression of a predominantly root-expressed NAC transcription factor in wheat roots enhances root length, biomass and drought tolerance. **Plant Cell Reports**, v. 37, p. 225–237, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s00299-017-2224-y>

CHOURASIA, K.; LAL, M.; TIWARI, R.; DEV, D.; KARDILE, H.; PATIL, V.; KUMAR, A.; VANISHREE, G.; KUMAR, D.; BHARDWAJ, V.; MANGAL, V.; SHELAK, R.; KIM, J.; PRAMANIK, D. Salinity stress in potato: Understanding physiological, biochemical and molecular responses. **Life**, v. 11, e11060545, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/life11060545>

CONAB – COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. Acompanhamento da safra brasileira de grãos: Safra 2020/21, 12º Levantamento. Brasília, setembro, 2021.

CONAB – COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. Último levantamento da safra 2023/2024: Estimativa da produção de grãos em 298,41 milhões de toneladas. Brasília, outubro, 2024.

COTAPEL. **Cotações Milho-Pipoca**. [s. l.], 2020. Disponível em: <https://cotapel.com.br/>. Acesso em: 16 jan. 2025.

CRUZ, C. D. GENES: software para análise de dados em estatística experimental e em genética quantitativa. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013. <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v35i3.21251>

DAMERVAL, C.; DE VIENNE, D.; ZIVY, M.; THIELLEMENT, H. Technical improvements in two-dimensional electrophoresis increase the level of genetic variation detected in wheat-seedling proteins. **ELECTROPHORESIS**, v. 7, n. 1, p. 52–54, 1986. Disponível em: <https://doi.org/10.1002/elps.1150070108>

- DASZKOWSKA-GOLEC, A. The role of abscisic acid in drought stress: How ABA helps plants to cope with drought stress. *In: Drought Stress Tolerance in Plants, Vol 2*. Cham: Springer International Publishing, 2016. v. 2, p. 123–151. Disponível em: https://doi.org/10.1007/978-3-319-32423-4_5
- DASZKOWSKA-GOLEC, A.; SZAREJKO, I. Open or close the gate—stomata action under the control of phytohormones in drought stress conditions. **Frontiers in Plant Science**, v. 4, p. 138, 2013. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fpls.2013.00138>
- DE BRASI-VELASCO, S.; SÁNCHEZ-GUERRERO, A.; CASTILLO, M. C.; VERTOMMEN, D.; LEÓN, J.; SEVILLA, F.; JIMÉNEZ, A. Thioredoxin TRXo1 is involved in ABA perception via PYR1 redox regulation. **Redox Biology**, v. 63, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.redox.2023.102750>
- DE OLLAS, C.; DODD, I. C. Physiological impacts of ABA–JA interactions under water-limitation. **Plant Molecular Biology**, v. 91, n. 6, p. 641–650, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s11103-016-0503-6>
- DING, F.; LI, F.; ZHANG, B. A plastid-targeted heat shock cognate 70-kDa protein confers osmotic stress tolerance by enhancing ROS scavenging capability. **Frontiers in Plant Science**, v. 13, 1012145, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1012145>
- DISTLER, U.; SIELAFF, M.; TENZER, S. Label-free proteomics of quantity-limited samples using ion mobility-assisted data-independent acquisition mass spectrometry. *In: QUANTITATIVE METHODS IN PROTEOMICS*. New York: Humana, 2021. v. 2228, p. 327–339. Disponível em: https://doi.org/10.1007/978-1-0716-1024-4_23
- DITTMER, S.; KLEINE, T.; SCHWENKERT, S. The TPR and J-domain containing proteins DJC31 and DJC62 are involved in abiotic stress response in *Arabidopsis thaliana*. **Journal of Cell Science**, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1242/jcs.259032>
- DOORN, W. G. VAN; BEERS, E. P.; DANGL, J. L.; FRANKLIN-TONG, V. E.; GALLOIS, P.; HARA-NISHIMURA, I.; JONES, A. M.; KAWAI-YAMADA, M.; LAM, E.; MUNDY, J.; MUR, L. A. J.; PETERSEN, M.; SMERTENKO, A.; TALIANSKY, M.; BREUSEGEM, F. VAN; WOLPERT, T.; WOLTERING, E.;

- ZHIVOTOVSKY, B.; BOZHKO, P. V. Morphological classification of plant cell deaths. **Cell Death and Differentiation**, v. 18, n. 8, p. 1241–1246, 2011. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/cdd.2011.36>.
- DUAN, Y.; ZHANG, W.; LI, B.; WANG, Y.; LI, K.; HAN, C.; ZHANG, Y.; LI, X. An endoplasmic reticulum response pathway mediates programmed cell death of root tip induced by water stress in *Arabidopsis*. **New Phytologist**, v. 186, n. 3, p. 681–695, 2010. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.2010.03207.x>
- ENGELSDORF, T.; GIGLI-BISCEGLIA, N.; VEERABAGU, M.; McKENNA, J. F.; VAAHTERA, L.; AUGSTEIN, F.; VAN DER DOES, D.; ZIPFEL, C.; HAMANN, T. The plant cell wall integrity maintenance and immune signaling systems cooperate to control stress responses in *Arabidopsis thaliana*. **Science Signaling**, v. 11, eaao3070, 2018. Disponível em: <https://doi.org/10.1126/scisignal.aao3070>
- ESKİKOY, G.; KUTLU, I. Inter-subspecies diversity of maize to drought stress with physio-biochemical, enzymatic and molecular responses. **PeerJ**, v. 12, e17931, 2024. Disponível em: <https://doi.org/10.7717/peerj.17931>
- FANG, Y.; DU, Y.; WANG, J.; WU, A.; QIAO, S.; XU, B.; ZHANG, S.; SIDDIQUE, K.; CHEN, Y. Moderate drought stress affected root growth and grain yield in old, modern and newly released cultivars of winter wheat. **Frontiers in Plant Science**, v. 8, p. 672, 2017. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.00672>
- FANG, Y.; WANG, J.; ZHANG, R.; LI, F.; LIANG, L.; LIU, S.; XU, B.; CHEN, Y. Assessing the impact of early and terminal droughts on root growth, grain yield and yield stability in old and modern wheat cultivars on the Loess Plateau. **Agricultural Water Management**, 2024. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.agwat.2024.108940>
- FAO. Relatório semestral sobre os mercados globais de alimentos. Roma: **Perspectivas Alimentares**, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.4060/cb7491>
- FARIA JUNIOR, C. A.; DE FREITAS, P. S. L.; DALLACORT, R.; MIOTO, L. S.; BARBIERI, J. D. Zoneamento agrícola da cultura do milho pipoca para o estado

- de Mato Grosso. **Brazilian Journal of Applied Technology for Agricultural Science**, v. 13, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.5935/PAeT.V13.e6449>
- FAZELI-NASAB, B.; VESSAL, S.; BAGHERI, A.; MALEKZADEH-SHAFAROU DI, S. Evaluation of drought-tolerant chickpea genotypes (*Cicer arietinum L.*) using morphophysiological and phytochemical traits. **Frontiers in Plant Science**, v. 16, 1529177, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fpls.2025.1529177>
- GHOSH, U.; ISLAM, M.; SIDDIQUI, M.; CAO, X.; KHAN, M. Proline, a multifaceted signalling molecule in plant responses to abiotic stress: understanding the physiological mechanisms. **Plant Biology**, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/plb.13363>
- GONG, F.; YANG, L.; TAI, F.; HU, X.; WANG, W. “Omics” of maize stress response for sustainable food production: opportunities and challenges. **OMICS: A Journal of Integrative Biology**, v. 18, n. 12, p. 714–732, 2014. Disponível em: <https://doi.org/10.1089/omi.2014.0125>
- GUPTA, A.; UPADHYAY, R. K.; PRABHAKAR, R.; TIWARI, N.; GARG, R.; SANE, V. A.; SANE, A. P. SIDREB3, a negative regulator of ABA responses, controls seed germination, fruit size and the onset of ripening in tomato. **Plant Science**, v. 319, p. 111249, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2022.111249>
- GUSMAN, G. S.; YAMAGUSHI, M. Q.; VESTENA, S. Potencial alelopático de extratos aquosos de *Bidens pilosa L.*, *Cyperus rotundus L.* e *Euphorbia heterophylla L.* **Iheringia, Série Botânica**, v. 66, n. 1, p. 87–98, 2011.
- HAFEZ, E. M.; GHARIB, H. S. Effect of exogenous application of ascorbic acid on physiological and biochemical characteristics of wheat under water stress. **International Journal of Plant Production**, v. 10, n. 4, p. 579–596, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.22069/IJPP.2016.3051>
- HAJNAL, Á.; GALLÉ, Á.; GAÁL, M.; TOMPA, B.; PELSŐCZI, A.; CSISZÁR, J.; HORVÁTH, E. Exploring the variety-specific roles of glutathione transferases in tomato osmotic stress response. **Plant Science**, v. —, p. 112645, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2025.112645>.

- HAMANN, T.; BENNETT, M.; MANSFIELD, J.; SOMERVILLE, C. Identification of cell-wall stress as a hexose-dependent and osmosensitive regulator of plant responses. **The Plant Journal**, v. 57, n. 6, p. 1015–1026, 2009. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/j.1365-313X.2008.03744.x>
- HAN, C.; CHEN, G.; ZHENG, D.; FENG, N. Transcriptomic and metabolomic analyses reveal that ABA increases the salt tolerance of rice significantly correlated with jasmonic acid biosynthesis and flavonoid biosynthesis. **Scientific Reports**, v. 13, 20365, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41598-023-47657-w>
- HARE, P.; CRESS, W. Metabolic implications of stress-induced proline accumulation in plants. **Plant Growth Regulation**, v. 21, p. 79–102, 1997. Disponível em: <https://doi.org/10.1023/a:1005703923347>
- HASANUZZAMAN, M.; BHUYAN, M. H. M. B.; ANEE, T. I.; PARVIN, K.; NAHAR, K.; MAHMUD, J. A.; FUJITA, M. Regulation of ascorbate–glutathione pathway in mitigating oxidative damage in plants under abiotic stress. **Antioxidants**, v. 8, n. 9, p. 384, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/antiox8090384>.
- HAZMAN, M. Y.; KABIL, F. F. Maize root responses to drought stress depend on root class and axial position. **Journal of Plant Research**, v. 135, n. 1, p. 105–120, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s10265-021-01348-7>
- HE, J.; WU, Y.; XUE, C.; LIAO, Z.; DONG, Y.; SHENG, M.; GUO, F.; WANG, B.; ZHU, J.; ZHU, M.; DONG, T.; XU, Y.; WANG, J.; SUN, J.; LI, Z.; LIU, J. Coordinated regulation between jasmonic acid and abscisic acid mediates drought tolerance in sweetpotato. **Plant Physiology and Biochemistry**, v. 229, p. 110260, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.plaphy.2025.110260>
- HE, M.; HE, C.-Q.; DING, N.-Z. Abiotic stresses: General defenses of land plants and chances for engineering multistress tolerance. **Frontiers in Plant Science**, v. 9, 1771, 2018. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.01771>
- HOSSAIN, M. A. MUNEMASA, S.; URAJI, M.; NAKAMURA, Y.; MORI, I. C.; MURATA, Y. Involvement of endogenous abscisic acid in methyl jasmonate-induced stomatal closure in Arabidopsis. **Plant Physiology**, v. 156, n. 1, p. 430–438, 2011. Disponível em: <https://doi.org/10.1104/pp.111.172254>

- HOSSEINIFARD, M.; STEFANIAK, S.; JAVID, M.; SOLTANI, E.; WOJTYLA, Ł.; GARNCZARSKA, M. Contribution of exogenous proline to abiotic stresses tolerance in plants: a review. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 23, e95186, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/ijms23095186>
- IBGE. Estimativa de setembro aponta safra recorde de 341,9 milhões de toneladas em 2025. **Agência de Notícias IBGE**, 14 out. 2025. Disponível em: <https://agenciadenoticias.ibge.gov.br/agencia-noticias/2012-agencia-de-noticias/noticias/44766-estimativa-de-setembro-aponta-safra-recorde-de-341-9-milhoes-de-toneladas-em-2025> . Acesso em: 28 out. 2025.
- IFIE, S.; DANGANA, R.; SWASE, D.; OKON, M.; MAKENA, W.; AGUNLOYE, M.; UGWU, C.; IFIE, J.; ODONA, S.; BABANGIDA, A.; AJA, P. Nutritional composition of *Zea mays L*: A comprehensive review of macronutrients, micronutrients, and bioactive compounds. **Open Research Africa**, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.12688/openresafrica.16056.1>
- IPCC. Impacts of 1.5°C global warming on natural and human systems. In: IPCC. **Global warming of 1.5°C: IPCC special report on impacts of global warming of 1.5°C above pre-industrial levels in context of strengthening response to climate change, sustainable development, and efforts to eradicate poverty**. Cambridge: Cambridge University Press, 2022. p. 175–312. Disponível em: <https://doi.org/10.1017/9781009157940.005>
- IPCC. **Mudanças climáticas 2021: a base da ciência física. Contribuição do Grupo de Trabalho I para o Sexto Relatório de Avaliação do Painel Intergovernamental sobre Mudanças Climáticas**. Cambridge: Cambridge University Press, 2021.
- JALEEL, C. A.; MANIVANNAN, P.; WAHID, A.; FAROOQ, M.; AL-JUBURI, H. J.; SOMASUNDARAM, R.; PANNEERSELVAM, R. Drought stress in plants: a review on morphological characteristics and pigments composition. **International Journal of Agriculture and Biology**, v. 11, n. 1, p. 100–105, 2009.
- KAMPHORST, S. H.; AMARAL JÚNIOR, A. T. D.; LIMA, V. J. D.; GUIMARÃES, L. J. M.; SCHMITT, K. F. M.; LEITE, J. T.; SANTOS, P. H. A. D.; CHAVES, M. M.; MAFRA, G. S.; SANTOS JUNIOR, D. R. D.; CRUZ, C. D.; CAMPOSTRINI, E.

Can genetic progress for drought tolerance in popcorn be achieved by indirect selection? **Agronomy**, v. 9, n. 12, 792, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/agronomy9120792>

KAMPHORST, S. H. DO AMARAL JUNIOR, A. T.; DE LIMA, V. J.; CARENA, M. J.; AZEREDO, V. C.; MAFRA, G. S.; SANTOS, P. H. A. D.; LEITE, J. T.; SCHMITT, K. F. M.; DOS SANTOS JUNIOR, D. R.; BISPO, R. B.; SANTOS, T. O.; DE OLIVEIRA, U. A.; PEREIRA, J. L.; LAMÊGO, D. L.; CARVALHO, C. M.; GOMES, L. P.; SILVA, J. G. S.; CAMPOSTRINI, E. Driving sustainable popcorn breeding for drought tolerance in Brazil. **Frontiers in Plant Science**, v. 12, 732285, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.732285>

KAUR, H.; KOHLI, S.; KHANNA, K.; BHARDWAJ, R. Scrutinizing the impact of water deficit in plants: Transcriptional regulation, signaling, photosynthetic efficacy and management. **Physiologia Plantarum**, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/ppl.13389>.

KEYA, S.; ISLAM, M.; PHAM, H.; RAHMAN, M.; BULLE, M.; PATWARY, A.; RAZI, M.; HEMEL, F.; GHOSH, T.; HUDA, N.; HAWA, Z.; RAHMAN, M.; RAVELOMBOLA, W. Thirsty, soaked, and thriving: Maize morpho-physiological and biochemical responses to sequential drought, waterlogging, and re-drying. **Plant Stress**, 2024. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.stress.2024.100722>

KHODARAHMPOUR, Z. Effect of drought stress induced by polyethylene glycol (-0,3 MPA) on germination indices in corn (*Zea mays L.*) hybrids. **African Journal of Biotechnology**, v. 10, p. 18222–18227, 2011. Disponível em: <https://doi.org/10.5897/ajb11.2639>

KHOYERDI, F. F.; SHAMSHIRI, M. H.; ESTAJI, A. Changes in some physiological and osmotic parameters of several pistachio genotypes under drought stress. **Scientia Horticulturae**, v. 198, p. 44–51, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2015.11.028>

KISTLER, L.; MAEZUMI, S. Y.; GREGORIO DE SOUZA, J.; PRZELOMSKA, N. A. S.; MALAQUIAS COSTA, F.; SMITH, O.; LOISELLE, H.; RAMOS-MADRIGAL, J.; WALES, N.; RIBEIRO, E. R.; MORRISON, R. R.; GRIMALDO, C.; PROUS, A. P.; ARRIAZA, B.; GILBERT, M. T. P.; DE OLIVEIRA FREITAS, F.; ALLABY,

- R. G. Multiproxy evidence highlights a complex evolutionary legacy of maize in South America. **Science**, v. 362, n. 6420, p. 1309–1313, 2018. Disponível em: <https://doi.org/10.1126/science.aav0207>
- KÜLTZ, D.; CHAKRAVARTY, D. Hyperosmolality in the form of elevated NaCl but not urea causes DNA damage in murine kidney cells. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 98, n. 4, p. 1999–2004, 2001. Disponível em: <https://doi.org/10.1073/pnas.98.4.1999>.
- LARA-NÚÑEZ, A.; GARZA-AGUILAR, S.; PÁEZ-FRANCO, J.; DE DIOS GALINDO-DE-LA-ROSA, J.; VALLEJO-BECERRA, V. The cyclin-dependent kinase activity modulates the central carbon metabolism in maize during germination. **Physiologia Plantarum**, v. 177, e70119, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/ppl.70119>
- LI, Z.; SU, X.; CHEN, Y.; FAN, X.; HE, L.; GUO, J.; WANG, Y.; YANG, Q. Melatonin Improves Drought Resistance in Maize Seedlings by Enhancing the Antioxidant System and Regulating Abscisic Acid Metabolism to Maintain Stomatal Opening Under -0,3 MPA-Induced Drought. **Journal of Plant Biology**, v. 64, n. 4, p. 299–312, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s12374-021-09297-3>
- LIMA, V. J. de; AMARAL JÚNIOR, A. T. D.; KAMPHORST, S. H.; BISPO, R. B.; LEITE, J. T.; SANTOS, T. D. O.; SCHMITT, K. F. M.; CHAVES, M. M.; OLIVEIRA, U. A. D.; SANTOS, P. H. A. D.; GONÇALVES, G. M. B.; KHAN, S.; GUIMARÃES, L. J. M.. Combined dominance and additive gene effects in trait inheritance of drought-stressed and full irrigated popcorn. **Agronomy**, v. 9, n. 12, p. 782, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/agronomy9120782>
- LIU, Z.; GUI, J.; YAN, Y.; ZHANG, H.; HE, J. Transcriptomic analysis of the dehydration rate of mature rice (*Oryza sativa*) seeds. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 24, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/ijms241411527>.
- MA, Y.; DIAS, M. C.; FREITAS, H. Drought and salinity stress responses and microbe-induced tolerance in plants. **Frontiers in Plant Science**, v. 11, p. 591911, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.591911>
- MACHADO NETO, N. B.; CUSTÓDIO, C. C.; COSTA, P. R.; DONÁ, F. L. Deficiência hídrica induzida por diferentes agentes osmóticos na germinação e

- vigor de sementes de feijão. **Revista Brasileira de Sementes**, v. 28, n. 1, p. 142–148, 2006. Disponível em: <https://doi.org/10.1590/S0101-31222006000100020>
- MAHMOOD, T.; KHALID, S.; ABDULLAH, M.; AHMED, Z.; SHAH, M.; GHAFOR, A.; DU, X. Insights into drought stress signaling in plants and the molecular genetic basis of cotton drought tolerance. **Cells**, v. 9, n. 1, p. 105, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/cells9010105>
- MARCIŃSKA, I.; CZYCYŁO-MYSZA, I.; SKRZYPEK, E.; FILEK, M.; GRZESIAK, S.; GRZESIAK, M. T.; JANOWIAK, F.; HURA, T.; DZIURKA, M.; DZIURKA, K.; NOWAKOWSKA, A.; QUARRIE, S. A. Impact of osmotic stress on physiological and biochemical characteristics in drought-susceptible and drought-resistant wheat genotypes. **Acta Physiologiae Plantarum**, v. 35, p. 451–461, 2013. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s11738-012-1088-6>
- MARCOS FILHO, J. **Fisiologia de sementes de plantas cultivadas**. Londrina: Abrates, 2015. v. 1.
- MATSUOKA, Y.; VIGOUROUX, Y.; GOODMAN, M. M.; SANCHEZ, G. J.; BUCKLER, E.; DOEBLEY, J. A single domestication for maize shown by multilocus microsatellite genotyping. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 99, n. 9, p. 6080–6084, 2002. Disponível em: <https://doi.org/10.1073/pnas.052125199>
- MI, C.; ZHAO, Y.; WANG, Q.; SUN, C.; ZHANG, Y.; ZHOU, C.; LIU, Y.; LIU, Z.; LIN, L. Responses of differentially expressed proteins and endogenous hormones in winter rapeseed (*Brassica rapa* L.) roots under water deficit stress. **Plant Breeding**, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/pbr.13126>.
- MOHI-UD-DIN, M.; HOSSAIN, M. A.; ROHMAN, M. M.; UDDIN, M. N.; HAQUE, M. S.; AHMED, J. U.; HOSSAIN, A.; HASSAN, M. M.; MOSTOFA, M. G. Multivariate analysis of morpho-physiological traits reveals differential drought tolerance potential of bread wheat genotypes at the seedling stage. **Plants**, v. 10, 879, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/plants10050879>
- MUKARRAM, M.; CHOUDHARY, S.; KURJAK, D.; PETEK, A.; KHAN, M. Drought: sensing, signalling, effects and tolerance in higher plants. **Physiologia Plantarum**, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/ppl.13423>

- MUSTAMU, N. E.; TAMPUBOLON, K.; ALRIDIWIRSAH; BASYUNI, M.; AL-TAEY, D. K. A.; JANABI, H. J. K. AL; MEHDIZADEH, M. Drought stress induced by polyethylene glycol (-0,3 MPA) in local maize at the early seedling stage. **Heliyon**, v. 9, n. 9, p. e20209, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2023.e20209>
- NANJO, Y.; SKULTETY, L.; UVÁČKOVÁ, L.; KLUBICOVÁ, K.; HAJDUCH, M.; KOMATSU, S. Mass spectrometry-based analysis of proteomic changes in the root tips of flooded soybean seedlings. **Journal of Proteome Research**, v. 11, n. 1, p. 372–385, 2012. Disponível em: <https://doi.org/10.1021/pr200701y>
- NINMANONT, P.; WONGCHAI, C.; PFEIFFER, W.; CHAIDEE, A. Integration of root border cells in salt stress response of Thai Jasmine rice. **Journal of Soil Science and Plant Nutrition**, v. 23, p. 4426–4437, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s42729-023-01360-x>
- NIU, L.; WANG, W.; LI, Y.; WU, X.; WANG, W. Maize multi-omics reveal leaf water status controlling of differential transcriptomes, proteomes and hormones as mechanisms of age-dependent osmotic stress response in leaves. **Stress Biology**, v. 4, 2024. <https://doi.org/10.1007/s44154-024-00159-9>.
- NOUREDDINE, J.; NAIR, A.; ESPINOSA, K.; FAN, L.; CHENG, J.; ZHAO, R. Pre-N and C-terminal extension regions of Arabidopsis HSP90.7 regulate the chaperone activity and ER stress response. **The Journal of Biological Chemistry**, v. 301, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.jbc.2025.110806>
- O'BRIEN, T. P.; FEDER, N.; MCCULLY, M. E. Polychromatic staining of plant cell walls by toluidine blue O. **Protoplasma**, v. 59, p. 368–373, 1964. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/BF01248568>
- OLIVEIRA, M.; LANG, G. H.; FERREIRA, C. D. (orgs.). **Milho: química, tecnologia e usos**. São Paulo: Editora Blucher, 2022. Disponível em: https://www.researchgate.net/publication/365686563_Milho_Quimica_tecnologia_e_usos . Acesso em: 18 ago. 2025.
- OSKU, M.; ROOZBAN, M. R.; SARIKHANI, S.; ARAB, M. M.; AKBARI, M.; VAHDATI, K. Revealing drought tolerance strategies in pistachio clonal hybrids:

Role of osmotic adjustment. **BMC Plant Biology**, v. 25, 580, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s12870-025-06583-x>

OSMOLOVSKAYA, N.; SHUMILINA, J.; KIM, A.; DIDIO, A.; GRISHINA, T.; BILOVA, T.; FROLOV, A.; WESSJOHANN, L. A.; FROLOV, A. Methodology of drought stress research: experimental setup and physiological characterization. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 19, n. 12, p. 4089, 2018. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/ijms19124089>

PARK, E.-J.; KIM, T.-H. Arabidopsis OSMOTIN 34 functions in the ABA signaling pathway and is regulated by proteolysis. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 22, n. 15, 7915, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/ijms22157915>

PATERNIANI, E.; NASS, L. L.; SANTOS, M. X. O valor dos recursos genéticos de milho para o Brasil: Uma abordagem histórica da utilização do germoplasma. In: UDRY, C. V.; DUARTE, W. (orgs.). **Uma história brasileira do milho: o valor dos recursos genéticos**. Brasília: Paralelo 15, 2000. p. 11–41. Disponível em: <https://ainfo.cnptia.embrapa.br/digital/bitstream/item/91836/1/Uma-historiabrasileira-do-millho.pdf>

PEDROZA-GARCÍA, J.; XIANG, Y.; DE VEYLDER, L. Cell cycle checkpoint control in response to DNA damage by environmental stresses. **The Plant Journal**, v. 108, n. 2, p. 1–15, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/tpj.15567>.

PETROV, V.; HILLE, J.; MUELLER-ROEBER, B.; GECHEV, T. ROS-mediated abiotic stress-induced programmed cell death in plants. **Frontiers in Plant Science**, v. 6, p. 1–14, 2015. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fpls.2015.00069>.

PINTO, V. B.; ALMEIDA, V. C.; PEREIRA-LIMA, Í. A.; VALE, E. M.; ARAÚJO, W. L.; SILVEIRA, V.; VIANA, J. M. S. Deciphering the major metabolic pathways associated with aluminum tolerance in popcorn roots using label-free quantitative proteomics. **Planta**, v. 254, n. 6, p. 132, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s00425-021-03786-y>

PIPATSITEE, P.; THEERAWITAYA, C.; TIASARUM, R.; SAMPHUMPHUANG, T.; SINGH, H. P.; DATTA, A.; CHA-UM, S. Physio-morphological traits and

- osmoregulation strategies of hybrid maize (*Zea mays*) at the seedling stage in response to water-deficit stress. **Protoplasma**, v. 259, n. 4, p. 869–883, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s00709-021-01707-0>
- POTOCKA, I.; SZYMANOWSKA-PULKA, J. Morphological responses of plant roots to mechanical stress. **Annals of Botany**, v. 122, n. 5, p. 711-723, 2018. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/aob/mcy010>
- QIN, H.; WANG, J.; ZHOU, J.; QIAO, J.; LI, Y.; QUAN, R.; HUANG, R. Abscisic acid promotes auxin biosynthesis to inhibit primary root elongation in rice. **Plant Physiology**, v. 191, p. 1953–1967, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/plphys/kiac586>
- RAMIREDDY, E.; HOSSEINI, S.; EGGERT, K.; GILLANDT, S.; GNAD, H.; VON WIRÉN, N.; SCHMÜLLING, T. Root engineering in barley: Increasing cytokinin degradation produces a larger root system, mineral enrichment in the shoot and improved drought tolerance. **Plant Physiology**, v. 177, p. 1078–1095, 2018. Disponível em: <https://doi.org/10.1104/pp.18.00199>
- RASTOGI, N.; ANGERSBACH, A.; KNORR, D. Evaluation of mass transfer mechanisms during osmotic treatment of plant materials. **Journal of Food Science**, v. 65, p. 1016–1019, 2000. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/j.1365-2621.2000.tb09409.x>.
- REIS, P. A. B.; CARPINETTI, P. A.; FREITAS, P. P. J.; SANTOS, E. G.; CAMARGOS, L. F.; OLIVEIRA, I. H.; SILVA, J. C. F.; CARVALHO, H. H.; DAL-BIANCO, M.; SOARES-RAMOS, J. R. L.; FONTES, E. P. B. Functional and regulatory conservation of the soybean ER stress-induced DCD/NRP-mediated cell death signaling in plants. **BMC Plant Biology**, v. 16, p. 1–15, 2016. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/s12870-016-0843-z>.
- REIS, R. S.; VALE, E. M.; SOUSA, K. R.; SANTA-CATARINA, C.; SILVEIRA, V. 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**, v. 145, p. 101–115, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s11240-020-01995-z>
- REISEN, D.; MARTY, F.; LEBORGNE-CASTEL, N. New insights into the tonoplast architecture of plant vacuoles and vacuolar dynamics during osmotic stress.

- BMC Plant Biology**, v. 5, n. 1, p. 13, 2005. Disponível em: <https://doi.org/10.1186/1471-2229-5-13>
- REYES-IMPELLIZZERI, S.; MORENO, A. A. The endoplasmic reticulum role in the plant response to abiotic stress. **Frontiers in Plant Science**, v. 12, 755447, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.755447>
- REYNOLDS, E. S. The use of lead citrate at high pH as an electron-opaque stain in electron microscopy. **Journal of Cell Biology**, v. 17, n. 1, p. 208–212, abr. 1963. Disponível em: <https://doi.org/10.1083/jcb.17.1.208>
- RIBEIRO, M. P.; VIANA, J. M. S.; GAMA, G. F. V.; DA SILVA, L. J.; DE OLIVEIRA, J. A.; RIBEIRO, C. Uni- and multivariate analyses for the characterization of popcorn inbred lines for drought tolerance at seedling and vegetative stages. **Agronomy**, v. 14, n. 11, p. 2513, 2024. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/agronomy14112513>
- SAH, R.; CHAKRABORTY, M.; PRASAD, K.; PANDIT, M.; TUDU, V.; CHAKRAVARTY, M.; NARAYAN, S.; RANA, M.; MOHARANA, D. Impact of water deficit stress in maize: Phenology and yield components. **Scientific Reports**, v. 10, p. 1–13, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41598-020-59689-7>
- SANGIOVO, M. J. R.; BASSO, C. J.; DE SOUZA, F. M.; FELTES, J. D.; DREWS, Á. T. N.; DE FARIAS, M. S.; PASINATTO, G. A.; LEANDRO, E. V. de S.; VICENTE, D. M.; MARINHO, T. B. da S. Adaptabilidade e época de sementeira de milho pipoca para a região Sul do Brasil. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 44, n. 4, p. 260–268, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.19084/rca.25415>
- SANTOS JUNIOR, D. R. D.; AMARAL JUNIOR, A. T. D.; LIMA, V. J. D.; LEITE, J. T.; BISPO, R. B.; AZEREDO, V. C.; ALMEIDA FILHO, J. E. D.; KAMPHORST, S. H.; VIANA, F. N.; RIBEIRO, R. M.; VIANA, A. P.; GRAVINA, G. D. A. Recurrent interpopulation selection in popcorn: from heterosis to genetic gains. **Plants**, v. 12, n. 5, 1056, 2023. <https://doi.org/10.3390/plants12051056>
- SATHISH, P.; VANAJA, M.; LAKSHMI, J.; SARKAR, B.; KUMAR, V.; VAGHEERA, P.; MOHAN, C.; MAHESWARI, M. Impact of water deficit stress on traits influencing the drought tolerance and yield of maize (*Zea mays L.*) genotypes.

- Plant Physiology Reports**, v. 27, p. 1–10, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s40502-021-00640-x>
- SELEIMAN, M. F.; AL-SUHAIBANI, N.; ALI, N.; AKMAL, M.; ALOTAIBI, M.; REFAY, Y.; DINDAROGLU, T.; ABDUL-WAJID, H. H.; BATTAGLIA, M. L. Drought stress impacts on plants and different approaches to alleviate its adverse effects. **Plants**, v. 10, n. 2, p. 259, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/plants10020259>
- SFAGRO. Milho pipoca atrai produtores que buscam maior renda e diversificação de culturas. Agrolink, 2022. Disponível em: https://www.agrolink.com.br/noticias/milho-pipoca-atrai-produtores-que-buscam-maior-renda-e-diversificacao-de-culturas_404907.html
- SHABBIR, R.; SINGHAL, R.; MISHRA, U.; CHAUHAN, J.; JAVED, T.; HUSSAIN, S.; KUMAR, S.; ANURAGI, H.; LAL, D.; CHEN, P. Combined abiotic stresses: challenges and potential for crop improvement. **Agronomy**, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/agronomy12112795>
- SHANNON, P.; MARKIEL, A.; OZIER, O.; BALIGA, N. S.; WANG, J. T.; RAMAGE, D.; AMIN, N.; SCHWIKOWSKI, B.; IDEKER, T. Cytoscape: a software environment for integrated models of biomolecular interaction networks. **Genome Research**, v. 13, n. 11, p. 2498–2504, 2003. Disponível em: <https://doi.org/10.1101/gr.1239303>
- SIMONI, E. B.; OLIVEIRA, C. C.; FRAGA, O. T.; REIS, P. A. B.; FONTES, E. P. B. Cell death signaling from endoplasmic reticulum stress: plant-specific and conserved features. **Frontiers in Plant Science**, v. 13, 835738, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.835738>
- SINGH, A.; PANDEY, H.; PANDEY, S.; LAL, D.; CHAUHAN, D.; APARNA; ANTRE, S. H.; B, S.; KUMAR, A. Drought stress in maize: Stress perception to molecular response and strategies for its improvement. **Functional & Integrative Genomics**, v. 23, n. 4, p. 296, 2023. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s10142-023-01226-6>
- SNOWDON, R. J.; WITTKOP, B.; CHEN, T.-W.; STAHL, A. Crop adaptation to climate change as a consequence of long-term breeding. **Theoretical and**

- Applied Genetics**, v. 134, n. 6, p. 1613–1623, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s00122-020-03729-3>
- SOFO, A.; SCOPA, A.; NUZZACI, M.; VITTI, A. Ascorbate peroxidase and catalase activities and their genetic regulation in plants subjected to drought and salinity stresses. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 16, n. 6, p. 13561–13578, 2015. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/ijms160613561>.
- SYCHTA, K.; SŁOMKA, A.; KUTA, E. Insights into plant programmed cell death induced by heavy metals—discovering a terra incognita. **Cells**, v. 10, n. 1, p. 65, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/cells10010065>.
- ULHASSAN, Z.; ZEESHAN, M.; WU, J.; FAN, X.; GAN, Y. Seed priming with zinc oxide nanoparticles downplayed ultrastructural damage and improved photosynthetic apparatus in maize under cobalt stress. **Journal of Hazardous Materials**, v. 423, p. 127021, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.jhazmat.2021.127021>
- VAAHTERA, L.; SCHULZ, J.; HAMANN, T. Cell wall integrity maintenance during plant development and interaction with the environment. **Nature Plants**, v. 5, p. 924–932, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41477-019-0502-0>
- VAN HEERWAARDEN, J.; DOEBLEY, J.; BRIGGS, W. H.; GLAUBITZ, J. C.; GOODMAN, M. M.; DE JESUS SANCHEZ GONZALEZ, J.; ROSS-IBARRA, J. Genetic signals of origin, spread, and introgression in a large sample of maize landraces. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 108, n. 3, p. 1088–1092, 2011. Disponível em: <https://doi.org/10.1073/pnas.1013011108>
- VANHEES, D. J.; LOADES, K. W.; BENGOUGH, A. G.; MOONEY, S. J.; LYNCH, J. P. Root anatomical traits contribute to deeper rooting of maize under compacted field conditions. **Journal of Experimental Botany**, v. 71, n. 14, p. 4243–4257, 2020. Disponível em: <https://doi.org/10.1093/jxb/eraa165>
- VERIFIED MARKET RESEARCH. **Global popcorn market by type (ready-to-eat popcorn, microwave popcorn), by application (household, commercial), By Geographic Scope And Forecast**. [S. l.: s. n.]. Disponível em: <https://www.verifiedmarketreports.com/product/global-popcorn-market-by->

type-ready-to-eat-popcorn-microwave-popcorn-by-application-household-commercial-by-geographic-scope-and-forecast/. Acesso em: 16 jan. 2025.

- WANG, X.; LI, Q.; XIE, J.; MEI, H.; CAI, J.; ZHOU, Q.; DAI, T.; JIANG, D. Abscisic acid and jasmonic acid are involved in drought priming-induced tolerance to drought in wheat. **Crop Journal**, v. 9, n. 6, p. 1201-1214, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.cj.2020.06.002>
- WIROJSIRASAK, W.; SONGSRI, P.; JONGRUNGKLANG, N.; TANGPHATSORNRUANG, S.; KLOMSA-ARD, P.; UKOSKIT, K. Determination of morpho-physiological traits for assessing drought tolerance in sugarcane. **Plants**, v. 13, n. 8, 1072, 2024. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/plants13081072>
- WORMIT, A.; BUTT, S. M.; CHAIRAM, I.; MCKENNA, J. F.; NUNES-NESI, A.; KJAER, L.; O'DONNELLY, K.; FERNIE, A. R.; WOSCHOLSKI, R.; BARTER, M. C.; HAMANN, T. Osmosensitive changes of carbohydrate metabolism in response to cellulose biosynthesis inhibition. **Plant Physiology**, v. 159, p. 105–117, 2012. Disponível em: <https://doi.org/10.1104/pp.112.195198>
- WU, J.; WANG, J.; HUI, W.; ZHAO, F.; WANG, P.; SU, C.; GONG, W. Physiology of plant responses to water stress and related genes: a review. **Forests**, v. 13, 324, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/f13020324>
- XIONG, L.; ZHU, J. K. Molecular and genetic aspects of plant responses to osmotic stress. **Plant, Cell and Environment**, v. 25, n. 2, p. 131–139, 2002. Disponível em: <https://doi.org/10.1046/j.1365-3040.2002.00782.x>
- YANG, Z.; WANG, M.; SUN, L.; LU, S.; BI, D.; SUN, L.; SONG, Z.; ZHANG, S.; ZHOU, S.; LIU, J. The membrane-associated transcription factor NAC089 controls ER-stress-induced programmed cell death in plants. **PLoS Genetics**, v. 10, n. 3, e1004243, 2014. Disponível em: <https://doi.org/10.1371/journal.pgen.1004243>.
- YE, C.; ZHENG, S.; JIANG, D.; LU, J.; HUANG, Z.; LIU, Z.; ZHOU, H.; ZHUANG, C.; LI, J. Initiation and execution of programmed cell death and regulation of reactive oxygen species in plants. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 22, n. 23, p. 12942, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/ijms222312942>.

- YU, B.; CHAO, D.-Y.; ZHAO, Y. How plants sense and respond to osmotic stress. **Journal of Integrative Plant Biology**, v. 66, n. 3, p. 565-584, 2024. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/jipb.13622>
- ZENG, W.; PENG, Y.; ZHAO, X.; WU, B.; CHEN, F.; REN, B.; ZHUANG, Z.; GAO, Q.; DING, Y. Comparative proteomics analysis of the seedling root response of drought-sensitive and drought-tolerant maize varieties to drought stress. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 20, n. 11, p. 2793, 2019. Disponível em: <https://doi.org/10.3390/ijms20112793>
- ZHANG, H.; ZHU, J.; GONG, Z.; ZHU, J. Abiotic stress responses in plants. **Nature Reviews Genetics**, v. 23, p. 104–119, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1038/s41576-021-00413-0>
- ZHAO, F. Y.; CAI, F. X.; GAO, H. J.; ZHANG, S. Y.; WANG, K.; LIU, T.; WANG, X. ABA plays essential roles in regulating root growth by interacting with auxin and MAPK signaling pathways and cell-cycle machinery in rice seedlings. **Plant Growth Regulation**, v. 75, n. 2, p. 535–547, 2015. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s10725-014-0017-7>
- ZHAO, N.; ZHOU, Z.; CUI, S.; ZHANG, X.; ZHU, S.; WANG, Y.; ZENDA, T.; LI, W. Advanced imaging-enabled understanding of cell wall remodeling mechanisms mediating plant drought stress tolerance. **Frontiers in Plant Science**, v. 16, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.3389/fpls.2025.1635078>.
- ZHAO, T.; ARBELET-BONNIN, D.; TRAN, D.; MONETTI, E.; LEHNER, A.; MEIMOUN, P.; KADONO, T.; DAUPHIN, A.; ERRAKHI, R.; REBOUTIER, D.; CANGÉMI, S.; KAWANO, T.; MANCUSO, S.; EL-MAAROUF-BOUTEAU, H.; LAURENTI, P.; BOUTEAU, F. Biphasic activation of survival and death pathways in *Arabidopsis thaliana* cultured cells by sorbitol-induced hyperosmotic stress. **Plant Science**, v. 305, p. 110844, 2021. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2021.110844>.
- ZHAO, W.; HUANG, H.; WANG, J.; WANG, X.; XU, B.; YAO, X.; SUN, L.; YANG, R.; WANG, J.; SUN, A.; WANG, S. Jasmonic acid enhances osmotic stress responses by MYC2- mediated inhibition of protein phosphatase 2C1 and response regulators 26 transcription factor in tomato. **The Plant Journal**, v. 113, n. 3, p. 546-561, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.1111/tpj.16067>

- ZHOU, H.; ZHANG, M.; CHANG, Y.; FENG, C.; YU, L. A method for separating tonoplast from wheat. **Journal of Plant Physiology**, v. 299, p. 154258, 2024. Disponível em: <https://doi.org/10.1016/j.jplph.2024.154258>
- ZULFIQAR, F.; ASHRAF, M. Proline alleviates abiotic stress-induced oxidative stress in plants. **Journal of Plant Growth Regulation**, v. 42, p. 4629–4651, 2022. Disponível em: <https://doi.org/10.1007/s00344-022-10839-3>
- ZULKADIR, G. Salt tolerance of different maize genotypes during germination and seedling stages. **Phyton**, v. 94, 2025. Disponível em: <https://doi.org/10.32604/phyton.2025.064144>

APÊNDICE

Este apêndice apresenta as tabelas complementares referentes às proteínas diferencialmente acumuladas (DAPs) nos diferentes linhagens e condições experimentais avaliadas. São apresentados os valores de *log₂ fold change* (log₂FC) para os contrastes entre condição de estresse e condição controle, tanto para a linhagem tolerante (TS/TC) quanto para a linhagem sensível (SS/SC), bem como a respectiva classificação da regulação diferencial das proteínas (UP, DOWN ou UNCHANGED), considerando a parte aérea e o sistema radicular.

Tabela 5. Proteínas diferencialmente acumuladas (DAPs) na parte aérea de plântulas de milho pipoca na condição de estresse osmótico. TS/TC (linhagem tolerante na condição estresse/ linhagem tolerante na condição controle) e SS/SC (linhagem sensível na condição controle).

ID	Função	Regulação Diferencial			
		log2FC	TS/TC	SS/SC	TS/TC
A0A804LIC6	L-ascorbate peroxidase	1,102959556	0,8607536027	UP	UP
A0A804LJK4	Hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	2,011542781	3,730989238	UP	UP
P18026	Tubulin beta-2 chain	1,236458305	1,396074257	UP	UP
A0A804M300	Actin-7	0,6791836628	0,6221189812	UP	UP
A0A1D6MXK3	Jasmonate-induced protein	1,477379971	1,580003599	UP	UP
B6TB97	30S ribosomal protein S3_ chloroplastic	1,157914902	2,421984238	UP	UP
C4J410	Heat shock 70 kDa protein	0,7385116965	1,342315615	UP	UP
B6T522	40S ribosomal protein S14	1,366737123	2,837563907	UP	UP
A2SZW8	1-Cys peroxiredoxin PER1	2,602910398	2,680267283	UP	UP
K7VJF3	Heat shock 70 kDa protein 5	0,606032157	1,077090122	UP	UP
A0A1D6MXJ9	OSJNBa0024J22.14-like protein	1,477096108	1,22918704	UP	UP
Q41764	Actin-depolymerizing factor 3	1,367011034	0,8862209717	UP	UP
A0A1D6L2V9	Alpha tubulin1	0,9774862718	2,498760955	UP	UP
B6SYS9	60S ribosomal protein L30	1,26577422	2,188156215	UP	UP
C0P455	60S ribosomal protein L4-1	0,9545493028	1,206097986	UP	UP
B4FHH2	30S ribosomal protein S3_ chloroplastic	2,10309845	1,83266818	UP	UP
A0A804LD34	Small ribosomal subunit protein uS2	1,266717377	0,7936671031	UP	UP

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
B4FHX3	60S ribosomal protein L23	1,389866713	3,170560842	UP	UP
A0A804NG48	GTP-binding nuclear protein	1,757874087	1,63589165	UP	UP
B6T6G1	60S ribosomal protein L12	0,8434664855	1,145995478	UP	UP
B4FL79	Nascent polypeptide-associated complex subunit alpha-like protein 3	0,8349941535	0,937869688	UP	UP
P33627	Tubulin alpha-6 chain	1,788807351	1,949156332	UP	UP
A0A804PZ34	Tr-type G domain-containing protein	0,8047910471	1,600076267	UP	UP
A0A804UAT5	Tr-type G domain-containing protein	1,272644294	1,108653479	UP	UP
A0A804QJG2	Small ribosomal subunit protein uS7c	1,99511902	3,016558054	UP	UP
B4FK84	glutathione transferase	1,401758491	0,9017290746	UP	UP
A0A804QAJ3	Heat shock protein 90-2	0,7354018685	1,125961611	UP	UP
P29023	Endochitinase B	2,415544211	2,955857136	UP	UP
A0A1D6JW41	40S ribosomal protein S20-1	1,517802624	2,133822105	UP	UP
A0A804R0P7	Small ribosomal subunit protein uS10 domain-containing protein	0,8194164571	2,240471657	UP	UP
A0A804PHY0	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	0,9978065534	0,6315421062	UP	UP
A0A1D6FNK4	60S ribosomal protein L11-1	1,473099033	2,145201513	UP	UP
Q8W0V2	Lipoxygenase	1,048885093	2,339108494	UP	UP
K7TP80	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein	0,6211379843	0,6135209588	UP	UP
B4G1D2	CBS domain protein	1,361497505	1,120497219	UP	UP
A0A804QFE3	Hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	1,213680607	3,421515013	UP	UP
P30755	Histone H2B.1	0,753089807	2,265413161	UP	UP

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
K7UGU4	Putative WD40-like beta propeller repeat family protein	1,530841806	2,434979736	UP	UP
B4FQQ1	Reactive Intermediate Deaminase A chloroplastic	2,438249983	1,204615988	UP	UP
B4FT31	glutathione dehydrogenase (ascorbate)	2,326693483	1,586285772	UP	UP
B4FCK9	60S ribosomal protein L22-2	1,215248362	1,819445451	UP	UP
B4G286	40S ribosomal protein S18	0,7176104254	3,556088696	UP	UP
B6TJ93	Small ribosomal subunit protein uS8c	1,38571132	2,856387489	UP	UP
B6TIP7	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	1,189369329	1,826401427	UP	UP
A0A1D6E6A9	Glutaredoxin homolog1	3,63166324	2,032593502	UP	UP
P46252	Large ribosomal subunit protein P2A	0,6144022324	0,7390770413	UP	UP
A0A804R6J0	40S ribosomal protein S19	0,9213936013	2,225930575	UP	UP
A0A804QPJ4	Heat shock 70 kDa protein 14	1,117753685	0,9864109785	UP	UP
P00333	Alcohol dehydrogenase 1	1,236413753	1,631670037	UP	UP
Q43863	Annexin	1,848211151	3,259423396	UP	UP
B4F9D5	chitinase	2,373331168	1,357875743	UP	UP
A0A804PVR0	Histidine kinase/HSP90-like ATPase domain-containing protein	1,092614911	1,465003778	UP	UP
B4FFZ3	60S ribosomal protein L11	0,8897839891	1,73985927	UP	UP
A0A1D6MRR5	Stress-inducible membrane pore protein	1,96899075	3,400215194	UP	UP
A0A804NW83	rRNA 2'-O-methyltransferase fibrillar	1,777766151	3,287810722	UP	UP

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
B4FHT1	Annexin	1,410188932	3,01040348	UP	UP
A0A1D6E513	inorganic diphosphatase	1,015703903	1,184322354	UP	UP
A0A804PI54	Aspartate aminotransferase	1,109790281	0,7451901458	UP	UP
A0A804N8I0	40S ribosomal protein S7	2,335924744	3,028396121	UP	UP
B4G1Z2	Xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase	0,7307858547	0,738911009	UP	UP
P18123	Catalase isozyme 3	0,8517630995	1,276011766	UP	UP
B4FH57	Elongation factor Tu	0,8386196706	0,594751549	UP	UP
B4FFZ9	Oil body-associated protein 1A	3,475308577	3,364808238	UP	UP
Q5EUD7	protein disulfide-isomerase	0,9830533997	2,648423876	UP	UP
A0A1D6GWE1	Shepherd-like1	1,01130183	1,559298971	UP	UP
A0A804Q6H8	S5 DRBM domain-containing protein	1,113638549	2,326007041	UP	UP
P38559	Glutamine synthetase root isozyme 1	2,219641145	1,189695656	UP	UP
A0A804N0L3	Bowman-Birk serine protease inhibitors family domain-containing protein	1,84334455	3,385414428	UP	UP
A0A1D6MXJ8	Jasmonate-induced protein	2,311192463	1,314016654	UP	UP
A0A804UD01	Small ribosomal subunit protein uS8c	2,27811492	1,970953778	UP	UP
B4FRA6	OSJNBb0091E11.19-like protein	1,595814841	1,170917459	UP	UP
B4F925	Superoxide dismutase	1,809750604	1,394459201	UP	UP
B4F8B9	S-(hydroxymethyl)glutathione dehydrogenase	1,038899956	1,077025868	UP	UP
A0A804ND32	Aspartate aminotransferase	1,210013041	1,466168866	UP	UP
B4FZN6	40S ribosomal protein S7	1,347704514	2,626012035	UP	UP

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A804QXF1	UspA domain-containing protein	1,395009174	1,151267767	UP	UP
A0A804UA89	Large ribosomal subunit protein uL6 alpha-beta domain-containing protein	2,118287597	3,599170456	UP	UP
A0A804QCA6	60S ribosomal protein L14	0,7042096748	2,099891084	UP	UP
B4FKH7	Cytochrome b5	1,086802496	0,8345136565	UP	UP
Q9SM26	60S acidic ribosomal protein P2A	0,7142526012	1,098640913	UP	UP
C0P848	Formate dehydrogenase_ mitochondrial	1,452125582	1,888978042	UP	UP
C0PH19	Cytochrome P450 family 87 subfamily A polypeptide 6	2,495448534	3,870479533	UP	UP
P25460	Small ribosomal subunit protein uS17	1,758404642	3,611180315	UP	UP
B5AMJ8	Alpha-1_4 glucan phosphorylase	1,089398376	2,261263585	UP	UP
A0A1D6FRI4	ERBB-3 BINDING PROTEIN 1	2,635197026	3,852521348	UP	UP
A0A804PA43	TRASH domain-containing protein	0,7528035513	1,100315208	UP	UP
C0HF51	Zinc finger (C3HC4-type RING finger) family protein	3,842523246	3,931878005	UP	UP
A0A1D6MB69	Putative aldehyde dehydrogenase MIS1	1,051638542	1,094787383	UP	UP
A0A804Q177	Peptidase M24 domain-containing protein	1,656809401	2,682776365	UP	UP
A0A1D6L3U6	Aluminum induced protein with YGL and LRDR motifs	0,9193145524	0,6434352013	UP	UP
A0A804QTB0	isocitrate dehydrogenase (NADP(+))	0,8753280041	1,739918977	UP	UP
B4FSB4	Leucine-rich repeat (LRR) family protein	2,158467691	3,780517564	UP	UP

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A804MYA4	Large ribosomal subunit protein uL5 C-terminal domain-containing protein	2,176642464	3,113075583	UP	UP
A0A804UFE3	Importin subunit alpha	1,217766657	1,377167659	UP	UP
A0A1D6KCZ2	alanine transaminase	2,269443021	3,019912598	UP	UP
B4FBV8	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit G	1,600084927	1,220524124	UP	UP
B6UC65	Benzoxazinone synthesis4	0,8297850249	2,228813498	UP	UP
C0PDG3	Heat shock protein 90-6 mitochondrial	1,073767429	1,366539813	UP	UP
C0HIJ2	Glutamine synthetase	0,8903009762	1,755407537	UP	UP
K7UVD7	Ribonuclease	1,237667067	1,224762506	UP	UP
A0A804RA11	Cupin type-1 domain-containing protein	2,04892995	3,281040027	UP	UP
A0A804UCH1	Glucose-1-phosphate adenylyltransferase	1,948895967	1,47893672	UP	UP
A2T1W7	Aldose reductase	1,230110613	0,6483837313	UP	UP
B6THM9	60S ribosomal protein L22-2	1,750924392	2,790490203	UP	UP
A0A804M883	Pyruvate kinase	0,7967936531	1,366548309	UP	UP
A0A1D6L6U6	Glutathione S-transferase	1,474536423	1,201281926	UP	UP
A0A804NR99	Thioredoxin domain-containing protein	0,7591164251	1,121458858	UP	UP
B7ZZ57	Polyphenol oxidase chloroplastic	1,708246958	0,9184438631	UP	UP
A0A804N8X4	RNA helicase	1,086264478	1,065634091	UP	UP
B4F8P4	anthranilate synthase	0,9746830228	1,314577091	UP	UP

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A1D6JXF4	17.4 kDa class I heat shock protein	4,073700808	3,263385885	UP	UP
Q941P2	Glucose-1-phosphate adenylyltransferase	1,889682878	2,310734325	UP	UP
A0A1D6GRB4	alanine transaminase	1,82525866	2,31492258	UP	UP
A0A804LIK5	pyruvate decarboxylase	0,6440924375	1,164022107	UP	UP
B6TI78	peptidylprolyl isomerase	1,332292519	1,824272304	UP	UP
K7VZN8	Large ribosomal subunit protein eL22	1,568898111	5,101132959	UP	UP
A0A804Q3T4	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit_mitochondrial	0,6610141609	0,9517620967	UP	UP
B6T8U5	ER6 protein	1,807445568	1,388315347	UP	UP
A0A1D6F4V9	26S proteasome regulatory subunit 4 homolog A	0,829877287	1,719503901	UP	UP
A0A804MZ91	phospholipase D	1,128815426	2,227363006	UP	UP
K7VQG5	Phospholipase D	0,6394271884	1,739874613	UP	UP
Q9ZPN0	NADH-cytochrome b5 reductase	0,754189833	0,8999926345	UP	UP
K7TFB6	ABA-responsive protein	1,265825357	2,366536178	UP	UP
A0A1D6K2E8	Sucrose synthase	2,446037754	2,156865006	UP	UP
K7UB16	Agmatine coumaroyltransferase	1,736614255	2,351069203	UP	UP
K7VLV6	Putative nucleolar protein 5-1	1,184750873	2,554251331	UP	UP
A0A1D6H6F1	Citrate synthase	0,7799375091	1,80249636	UP	UP
A0A1D6H9H0	TUDOR-SN protein 1	0,6235013893	0,9778270683	UP	UP
A0A804ULF4	Obg-like ATPase 1	1,032595251	1,9948619	UP	UP

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
B4FSW8	Grx_S17-glutaredoxin subgroup II	1,163575107	0,702633107	UP	UP
A0A804QU15	NADP-dependent oxidoreductase domain-containing protein	2,04368162	1,094276118	UP	UP
A0A1D6JSN1	T-complex protein 1 subunit gamma	1,696786357	0,9949616486	UP	UP
B4FBF2	Carboxypeptidase	1,142413219	1,007926173	UP	UP
B4FAK8	Calnexin homolog2	2,269261254	1,288121024	UP	UP
C0HFD0	Acireductone dioxygenase	1,376591639	0,8905807231	UP	UP
A0A804R5G4	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 5_mitochondrial	2,006125213	1,145422493	UP	UP
A0A1D6GG02	DnaJ protein	1,062992592	1,354264782	UP	UP
A0A804NKK3	RNA helicase	1,116901893	1,255406568	UP	UP
A0A804RE32	Tr-type G domain-containing protein	0,741072219	0,6753653981	UP	UP
A0A804P9Q3	Chaperone protein dnaJ 3	1,141549467	2,030814071	UP	UP
A0A804PH25	phosphoenolpyruvate carboxylase	0,7430909501	1,884041699	UP	UP
B4FZ10	Dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase 48 kDa subunit	0,9832277071	0,6133256137	UP	UP
Q6R9G1	NAD(P)H dehydrogenase subunit H	0,6389283301	2,4169225	UP	UP
A0A804NWX6	Short-chain type dehydrogenase/reductase	0,678922731	1,34197592	UP	UP
A0A804PHH9	3-hydroxyacyl-CoA dehydrogenase	0,6524180325	1,658000675	UP	UP
A0A804R453	Nucleolar protein 56	1,225018915	2,033421136	UP	UP

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A804R306	4-hydroxy-tetrahydrodipicolinate synthase	0,8817835051	0,7128638131	UP	UP
A0A804NLJ3	DNA replication licensing factor MCM2	1,467173173	1,313988879	UP	UP
A0A096SFU6	Lysine--tRNA ligase	0,9350428908	1,548743926	UP	UP
A0A804NGN9	Uncharacterized protein	1,291053192	1,014304187	UP	UP
A0A1D6LBZ9	Inactive protein FRIGIDA	1,944007665	0,9602728378	UP	UP
A0A804MF52	Anion-transporting ATPase-like domain-containing protein	1,06685455	1,484131156	UP	UP
Q7FWR0	Aldehyde dehydrogenase2	0,9200298543	1,557408456	UP	UP
A0A804NNJ7	RRM domain-containing protein	1,704576424	1,842478807	UP	UP
A0A804N3V1	ubiquitinyl hydrolase 1	0,7150537673	1,063891458	UP	UP
A0A1D6MQQ3	Argonaute105	1,27446303	1,807737487	UP	UP
P51059	Phosphoenolpyruvate carboxylase 2	0,8075573749	2,11840854	UP	UP
B6T7Z2	Cytochrome b5	1,718849819	1,382065943	UP	UP
C0PDC7	Chaperone protein ClpB1	1,275429606	2,814168718	UP	UP
A0A804MJF4	W2 domain-containing protein	0,6891436182	1,327285358	UP	UP
B4FR99	Acidic endochitinase	1,62828528	1,66620394	UP	UP
B4FGR6	Eukaryotic translation initiation factor 2 subunit beta	0,9433741507	1,164729545	UP	UP
A0A1D6MTX4	ABC transporter domain-containing protein	0,6659503601	1,715448052	UP	UP
A0A1D6NVZ6	3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransferase	1,196699376	0,8110924215	UP	UP

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A804QPM4	Glutamate-5-semialdehyde dehydrogenase	1,697271253	2,821672363	UP	UP
B4FQK5	Eukaryotic peptide chain release factor subunit 1-1	0,7320120345	1,494817463	UP	UP
K7WAM2	isoleucine--tRNA ligase	1,063535696	1,606503808	UP	UP
C4J009	4-coumarate--CoA ligase	0,6479881583	1,186373953	UP	UP
A0A1D6DXB0	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit C	0,9093602799	0,8347524947	UP	UP
B6ETR5	Asparagine synthetase [glutamine-hydrolyzing]	1,110499177	1,723733999	UP	UP
A0A804MTH7	NADH dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein 1_ mitochondrial	0,9453145808	2,271696958	UP	UP
C4JC17	H/ACA ribonucleoprotein complex subunit 4	1,359452965	2,244928443	UP	UP
A0A096RFR6	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit A	0,8865619451	1,375602023	UP	UP
K7TFH9	Prolyl endopeptidase	1,669117081	1,200156063	UP	UP
A0A804P9D1	threonine--tRNA ligase	0,7069487767	0,8231453916	UP	UP
A0A804P462	Cullin-associated NEDD8-dissociated protein 1	1,061344994	1,411756068	UP	UP
B4FF81	Asparagine synthetase [glutamine-hydrolyzing]	1,388139471	1,375710282	UP	UP
K7TVE3	Sucrose-phosphate synthase	0,7727635879	1,359063887	UP	UP
B6SGF1	40S ribosomal protein S12	0,6981358655	-0,6148187239	UP	DOWN
O22424	Small ribosomal subunit protein eS4	0,6917071721	-1,831832151	UP	DOWN

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
B4FRR1	inorganic diphosphatase	0,7022636871	-1,258797398	UP	DOWN
A0A804RHB0	Nuclear transport factor 2 (NTF2) family protein with RNA binding (RRM-RBD-RNP motifs) domain	0,7154121165	-0,7899948731	UP	DOWN
B4FMX6	Thioredoxin reductase	2,007536625	-1,323555844	UP	DOWN
A0A804RK50	Agmatine deiminase	0,6550470661	-0,6431924904	UP	DOWN
A0A804N3V0	Tubulin/FtsZ 2-layer sandwich domain-containing protein	2,345078492	0,3469468881	UP	UNCHANGED
B4FGC8	40S ribosomal protein S12	0,7791681213	0,3349102355	UP	UNCHANGED
P12653	Glutathione S-transferase 1	5,628325795	0,1211415596	UP	UNCHANGED
P27923	Ubiquitin-ribosomal protein eS31 fusion protein	0,760650312	0,112855531	UP	UNCHANGED
B6SJ21	Guanine nucleotide-binding protein beta subunit-like protein	0,7979760283	0,3240474212	UP	UNCHANGED
A0A804QM13	Ubiquitin-like domain-containing protein	1,67277959	0,4407001165	UP	UNCHANGED
A0A804QVR5	Elongation factor 2	0,7531209147	-0,1570055906	UP	UNCHANGED
A0A804UN22	60S ribosomal protein L12	1,592252835	0,2980663472	UP	UNCHANGED
A0A804N5V0	Jasmonate-induced protein	2,345770557	0,5490594812	UP	UNCHANGED
A0A804PAT4	Malate dehydrogenase	0,8270826884	-0,1599638066	UP	UNCHANGED
A0A1D6GNR3	Kiwellin-1	1,244961191	0,4246440671	UP	UNCHANGED
P23345	Superoxide dismutase [Cu-Zn] 4A	0,6387417252	-0,04142513203	UP	UNCHANGED
B1P123	TRIBOA-glucoside O-methyltransferase BX7	0,679843755	0,5220019229	UP	UNCHANGED

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A804PV51	chitinase	0,7879228809	0,618775214	UP	UNCHANGED
Q19VG6	Major latex protein 22	1,783018556	0,569672332	UP	UNCHANGED
A0A1D6L8I1	DUF642 domain-containing protein	0,8551487918	0,5359390642	UP	UNCHANGED
B4FH68	Peroxidase	0,6828992151	1,813152833	UP	UNCHANGED
B6TDF8	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	1,011049181	0,5810383943	UP	UNCHANGED
C0PK05	Lactoylglutathione lyase	1,048107926	0,573241773	UP	UNCHANGED
B4FUI0	NAD-dependent epimerase/dehydratase domain-containing protein	0,865346838	0,5369967767	UP	UNCHANGED
A0A804QZC2	SCP2 domain-containing protein	1,506079562	1,156623858	UP	UNCHANGED
B4FRS1	Ras-related protein RABH1b	0,8406635204	-0,6083453516	UP	UNCHANGED
B6TRL2	Brain acid soluble protein 1	0,8677591815	-1,270950894	UP	UNCHANGED
A0A804PQJ8	AAA+ ATPase domain-containing protein	1,209430884	-0,3115522464	UP	UNCHANGED
B4FI88	60S acidic ribosomal protein P2-5	0,7240376326	0,4812274192	UP	UNCHANGED
B6TN41	4-hydroxy-4-methyl-2-oxoglutarate aldolase	0,9683055876	0,469519969	UP	UNCHANGED
B4F8Q2	Heat shock 70 kDa protein_mitochondrial	0,9733505184	-0,3564434329	UP	UNCHANGED
P80639	Eukaryotic translation initiation factor 5A	0,6823156865	0,4043111716	UP	UNCHANGED
B4FSW0	40S ribosomal protein S10-1	0,8425090196	2,324985059	UP	UNCHANGED
A0A804PTG0	Dirigent protein	0,7295645149	0,1699622333	UP	UNCHANGED

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A804MFN3	Nucleoside diphosphate kinase	1,257570642	0,6795242177	UP	UNCHANGED
B4FSM5	Glutaredoxin-dependent peroxiredoxin	1,12073138	0,3583137477	UP	UNCHANGED
G1FMQ3	Auxin-binding protein	1,212423707	0,2779940876	UP	UNCHANGED
B4F840	Putative aldo-keto reductase 4	1,344416673	0,2409853865	UP	UNCHANGED
B4F8V5	NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 1 mitochondrial	0,7072935965	0,3589131022	UP	UNCHANGED
A0A804UDB2	Polyadenylate-binding protein	0,7954595662	-0,1748834761	UP	UNCHANGED
K7V5R6	S-formylglutathione hydrolase	0,6961246728	0,3514391994	UP	UNCHANGED
C0HEH4	O-methyltransferase family protein	0,8980350112	0,2954396509	UP	UNCHANGED
B4FQM2	Pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit beta	0,7068670791	-0,4871864886	UP	UNCHANGED
B6T1R4	Nucleic acid-binding OB-fold-like protein	1,11370431	0,3795017001	UP	UNCHANGED
C0PMQ1	Lactoylglutathione lyase	1,014443556	0,1348007952	UP	UNCHANGED
B4FTF8	glutathione transferase	1,587080389	-0,009276514141	UP	UNCHANGED
B6SGB6	Pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit alpha	0,6781927755	0,5111716638	UP	UNCHANGED
A0A804NSK1	NAP1-related protein 2	0,6042377776	0,4288205983	UP	UNCHANGED
A0A804R3B8	Nucleosome assembly protein 1	1,003103445	0,5547121691	UP	UNCHANGED
A0A804P5Q4	Hsp70-interacting protein N-terminal domain-containing protein	0,6699543809	0,7911136404	UP	UNCHANGED

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
Q71RX2	isopentenyl-diphosphate Delta-isomerase	1,534911496	0,5349164211	UP	UNCHANGED
A0A804Q1R0	Nucleosome assembly protein 1	1,317540114	0,3976363694	UP	UNCHANGED
P41979	Superoxide dismutase [Mn] 3.3_mitochondrial	1,880777589	-	UP	UNCHANGED
P33679	Zeamatin	0,7388988394	0,4064422155	UP	UNCHANGED
A0A3L6EVG8	inorganic diphosphatase	1,035902631	0,1306607272	UP	UNCHANGED
O24415	Large ribosomal subunit protein P2B	2,56167322	0,7293928371	UP	UNCHANGED
A0A804QPX5	Nucleoplasmin-like domain-containing protein	0,6712143414	0,4192689131	UP	UNCHANGED
C0P567	Pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit beta	1,124574527	0,1147262262	UP	UNCHANGED
B4FR02	PITH domain-containing protein	1,928251176	-0,09836726138	UP	UNCHANGED
B6TY34	Strictosidine synthase	0,7298731751	0,6726015884	UP	UNCHANGED
B4F817	glutathione dehydrogenase (ascorbate)	1,795952947	0,602670977	UP	UNCHANGED
A0A3L6ER98	NAD-dependent epimerase/dehydratase domain-containing protein	0,6055924906	0,4109832385	UP	UNCHANGED
A0A804MWWY6	Tetratricopeptide repeat (TPR)-like superfamily protein	0,6837786098	0,3533300593	UP	UNCHANGED
C0PNW8	LysM domain-containing GPI-anchored protein 2	0,8024975945	-0,2659021493	UP	UNCHANGED
A0A1D6KNU5	Temperature-induced lipocalin-1	1,110733144	-0,143966919	UP	UNCHANGED

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A804LJQ6	hydroxyacylglutathione hydrolase	1,382995549	0,8576987698	UP	UNCHANGED
A0A804RMV0	STI1 domain-containing protein	0,8493386773	-0,413916349	UP	UNCHANGED
B4FQL2	SEC13-related protein	0,9610425055	0,1262438333	UP	UNCHANGED
B4FNW5	DUF642 domain-containing protein	1,79710505	0,3088501275	UP	UNCHANGED
B6TNW8	Inosine triphosphate pyrophosphatase	0,7945408467	0,007571531058	UP	UNCHANGED
A0A804UH55	RRM domain-containing protein	0,7403744507	-0,006843337339	UP	UNCHANGED
B4F9E3	Anther-specific proline-rich protein APG	1,454671055	0,06221149855	UP	UNCHANGED
A0A804MQI0	valine--tRNA ligase	0,6615775104	0,5066177756	UP	UNCHANGED
Q43704	DNA replication licensing factor MCM3 homolog 1	4,033491686	0,394690942	UP	UNCHANGED
A0A804NV40	carbamoyl-phosphate synthase (glutamine-hydrolyzing)	0,6451718986	0,01884362417	UP	UNCHANGED
A0A804LRG5	K Homology domain-containing protein	1,364496054	0,4430098593	UP	UNCHANGED
A0A804R5C9	Bacterial surface antigen (D15) domain-containing protein	0,8967090728	0,4981579727	UP	UNCHANGED
A0A804NEQ6	RanBD1 domain-containing protein	0,9622825314	0,1293308065	UP	UNCHANGED
A0A1D6JW37	Chloride conductance regulatory protein ICln	0,7532472625	-0,1828484229	UP	UNCHANGED
B4FZ87	GDSL esterase/lipase ACHE	1,030073438	0,4375626275	UP	UNCHANGED
Q49HD7	12-oxo-phytodienoic acid reductase	0,8997441393	0,2310978202	UP	UNCHANGED

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
B4G1G6	Serine-threonine kinase receptor-associated protein	1,102032742	0,5595871852	UP	UNCHANGED
A0A1D6GET3	DNA topoisomerase (ATP-hydrolyzing)	0,7209878668	1,434923809	UP	UNCHANGED
A0A804LVD2	40S ribosomal protein S25	1,043761291	-	UP	-
B4FRS8	Germin-like protein	1,598781145	-	UP	-
B4FRC4	serine--tRNA ligase	1,590085074	-	UP	-
A0A804LJW4	Macro domain-containing protein	1,075869919	-	UP	-
A0A804P646	Uncharacterized protein	1,006322902	-	UP	-
B6SS27	4-coumarate--CoA ligase	1,231428952	-	UP	-
A0A804UIT2	Uncharacterized protein	1,730099803	-	UP	-
A0A804QRK3	Cupin type-1 domain-containing protein	0,6297762279	-	UP	ÚNICA_CONT ROLE
A0A1D6H2R4	H(+)-exporting diphosphatase	0,6837127534	-	UP	ÚNICA_CONT ROLE
A0A804NJL3	Uncharacterized protein	2,841878669	-	UP	ÚNICA_CONT ROLE
A0A804U892	Clp R domain-containing protein	1,224567142	-	UP	ÚNICA_CONT ROLE
A0A804M720	Mevalonate kinase	1,092365728	-	UP	ÚNICA_ESTR ESSE
A0A804LDT7	Cell division cycle protein 48	1,507446927	-	UP	ÚNICA_ESTR ESSE
C4J986	60S ribosomal protein L30-2	2,494896821	-	UP	ÚNICA_ESTR ESSE

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A1D6LZ61	H(+)-exporting diphosphatase	0,6921814116	-	UP	ÚNICA_ESTR ESSE
A0A804N5U7	Phytase	0,5927838559	-	UP	ÚNICA_ESTR ESSE
A0A804P6X5	S5 DRBM domain-containing protein	3,847625727	-	UP	ÚNICA_ESTR ESSE
A0A804LW19	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	2,571896714	-	UP	ÚNICA_ESTR ESSE
A0A1D6HNE8	DNA replication licensing factor MCM5	0,9570747799	-	UP	ÚNICA_ESTR ESSE
A0A804NYW2	2-isopropylmalate synthase	1,72889048	-	UP	ÚNICA_ESTR ESSE
A0A804UF59	Argonaute4a	2,603730739	-	UP	ÚNICA_ESTR ESSE
B6SIA2	40S ribosomal protein S26	-0,6136393955	0,7822457615	DOWN	UP
B4FWR7	60S ribosomal protein L13	-1,041237067	1,245343675	DOWN	UP
B4F972	Glutamate decarboxylase	-1,181867502	0,6506173895	DOWN	UP
A0A1D6GD67	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 12 homolog B	-0,8897461471	0,5992542193	DOWN	UP
A0A804NN45	NADH:ubiquinone reductase (non-electrogenic)	-0,677850686	1,105380352	DOWN	UP
P00827	ATP synthase subunit beta_chloroplástico	-2,55035601	-3,743404003	DOWN	DOWN
A0A804M3Z9	Tubulin beta chain	-1,073764109	-1,199920723	DOWN	DOWN

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
B6T3B2	Oxygen evolving complex 33kDa subunit	-1,792420389	-3,267046903	DOWN	DOWN
A0A804M0C2	Chlorophyll a-b binding protein_chloroplasic	-2,1130681	-2,692273052	DOWN	DOWN
C0HDZ6	Actin-7	-2,29082576	-1,236431296	DOWN	DOWN
Q6TM44	Germin-like protein	-2,601926828	-4,702427168	DOWN	DOWN
A0A804QEM1	Chlorophyll a-b binding protein_chloroplasic	-1,626210535	-2,173176892	DOWN	DOWN
O24574	Ribulose biphosphate carboxylase small subunit_chloroplasic	-2,240605049	-3,754306018	DOWN	DOWN
B4F9R9	Oxygen-evolving enhancer protein 1	-1,642850843	-3,310486905	DOWN	DOWN
P00874	Ribulose biphosphate carboxylase large chain	-1,29620011	-2,266586273	DOWN	DOWN
P11601	Photosystem I iron-sulfur center	-2,049778719	-4,248479037	DOWN	DOWN
A0A5P8KLB0	Cytochrome f	-2,228180423	-3,976979758	DOWN	DOWN
P06671	Chlorophyll a-b binding protein_chloroplasic	-2,583400273	-3,159571802	DOWN	DOWN
A0A804M862	NADPH-protochlorophyllide oxidoreductase	-0,7240096319	-1,53945714	DOWN	DOWN
B6TH55	Photosystem I reaction center subunit IV A	-2,583523363	-3,606283782	DOWN	DOWN
A0A804P7M1	Tubulin alpha chain	-0,7520724441	-1,339085642	DOWN	DOWN
Q84TL7	Legumin-like protein	-1,743200817	-0,8467404149	DOWN	DOWN
A0A804Q076	RuBisCO large subunit-binding protein subunit alpha_chloroplasic	-1,019691114	-1,885584902	DOWN	DOWN

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
P48187	Photosystem II CP43 reaction center protein	-1,354138026	-2,953009796	DOWN	DOWN
P09315	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase A_ chloroplastic	-1,876574983	-3,284815485	DOWN	DOWN
B4F8L7	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	-2,355903915	-3,170358762	DOWN	DOWN
B4G1P1	Glutamine synthetase	-2,291739856	-1,029733949	DOWN	DOWN
A0A804MUG2	Chlorophyll a-b binding protein_ chloroplastic	-1,11722761	-2,914392554	DOWN	DOWN
A0A804MIE3	Agglutinin domain-containing protein	-4,981877642	-4,895454383	DOWN	DOWN
A1XCI1	Lipoxygenase	-3,107323588	-3,389436443	DOWN	DOWN
A0A804RCY8	Fructose-bisphosphate aldolase	-2,392335349	-3,069700714	DOWN	DOWN
A0A1D6M7C2	Phosphoglycerate kinase	-1,988697242	-2,881275241	DOWN	DOWN
P08529	Large ribosomal subunit protein uL14c	-1,102448826	-2,454913593	DOWN	DOWN
A0A804Q515	23 kDa subunit of oxygen evolving system of photosystem II	-1,894472491	-3,36949195	DOWN	DOWN
A0A804P034	14-3-3 domain-containing protein	-1,385197733	-0,8511236255	DOWN	DOWN
B6TPG0	Elongation factor Tu	-0,7237792809	-1,319198953	DOWN	DOWN
A0A1D6F9C2	23 kDa subunit of oxygen evolving system of photosystem II	-2,2123881	-2,928004143	DOWN	DOWN
P05022	ATP synthase subunit alpha_ chloroplastic	-2,478050384	-3,724650528	DOWN	DOWN
Q8VXG7	Phenylalanine/tyrosine ammonia-lyase	-2,598340767	-2,000012497	DOWN	DOWN

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A804QTN9	Phosphoglycerate kinase	-1,697153015	-2,458344946	DOWN	DOWN
B4FR47	Fructose-bisphosphate aldolase	-5,222353718	-6,964308716	DOWN	DOWN
B7ZYW4	glutamate-1-semialdehyde 2_1-aminomutase	-0,7702121772	-1,544149461	DOWN	DOWN
B4FM07	thioredoxin-dependent peroxiredoxin	-1,290553656	-1,774954979	DOWN	DOWN
A0A1D6HY75	Photosystem I reaction center subunit IV A	-2,077310123	-3,162462809	DOWN	DOWN
A0A804UF37	Uncharacterized protein	-1,772716408	-2,205280284	DOWN	DOWN
P0C1M0	ATP synthase subunit gamma_chloroplastic	-3,647103384	-3,854572323	DOWN	DOWN
B4FTJ0	Triosephosphate isomerase	-1,575505223	-2,390215751	DOWN	DOWN
A0A1D6N672	Photosystem II subunit PsbS1	-2,594067586	-4,518637522	DOWN	DOWN
A0A1D6L4E5	beta-glucosidase	-1,016434761	-0,7947388826	DOWN	DOWN
A0A1D6M438	pyruvate_phosphate dikinase	-3,442362298	-2,898027933	DOWN	DOWN
Q41761	4-hydroxy-7-methoxy-3-oxo-3_4-dihydro-2H-1_4-benzoxazin-2-yl glucoside beta-D-glucosidase 2_chloroplastic	-1,271794624	-1,382653831	DOWN	DOWN
A0A804UJZ5	S1 motif domain-containing protein	-1,499400494	-2,867073891	DOWN	DOWN
B4FRC8	FAD/NAD(P)-binding oxidoreductase	-2,105415725	-2,651676172	DOWN	DOWN
B6U5I1	peptidylprolyl isomerase	-3,330963365	-4,502756717	DOWN	DOWN
A0A1D6EEW2	Natterin-4	-4,41908811	-4,346996656	DOWN	DOWN
Q7SIC9	Transketolase_chloroplastic	-0,7556814978	-1,083989043	DOWN	DOWN
B4FMX4	Glutamine synthetase	-1,448365832	-2,770974859	DOWN	DOWN

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
B4FUA1	Chlorophyll a-b binding protein_ chloroplastic	-2,675679451	-2,971242154	DOWN	DOWN
A0A804R4K2	Vacuolar proton pump subunit B	-0,602517267	-0,6293206375	DOWN	DOWN
B4G143	Chlorophyll a-b binding protein_ chloroplastic	-1,292310079	-2,140882917	DOWN	DOWN
A0A096R6Z8	Heat shock 70 kDa protein 6 chloroplastic	-0,6233608099	-1,240358364	DOWN	DOWN
B4FMW6	Aspartyl protease AED3	-1,759240079	-1,980707901	DOWN	DOWN
P04711	Phosphoenolpyruvate carboxylase 1	-4,306871541	-5,03467802	DOWN	DOWN
C0PFW3	malate dehydrogenase (NADP(+))	-2,531955756	-3,832076079	DOWN	DOWN
A0A804PMY3	Photosystem II protein D1	-1,290207579	-3,403482284	DOWN	DOWN
P17788	Large ribosomal subunit protein uL2cz/uL2cy	-1,751103549	-2,941342546	DOWN	DOWN
A0A1D6MUE8	Heat shock 70 kDa protein 6 chloroplastic	-0,8985674027	-1,718702411	DOWN	DOWN
A0A1D6F3N9	Elongation factor Ts_ mitochondrial	-1,640703383	-3,020224953	DOWN	DOWN
K7TXI5	Chlorophyll a-b binding protein_ chloroplastic	-2,999582623	-3,667258283	DOWN	DOWN
C0P4Q3	Heat shock protein 90 kDa	-0,656441789	-1,503729862	DOWN	DOWN
A0A096QRW1	Chlorophyll a-b binding protein_ chloroplastic	-3,372293971	-3,814388594	DOWN	DOWN
K7TP58	Cysteine protease 1	-1,369819049	-1,456486391	DOWN	DOWN
B8A2X5	Pectinesterase	-0,9666276583	-1,224259848	DOWN	DOWN

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
Q9SLP5	Ferredoxin--NADP reductase_ chloroplastic	-1,955962749	-3,169965768	DOWN	DOWN
A0A804NRX6	thioredoxin-dependent peroxiredoxin	-0,8481775559	-1,548144058	DOWN	DOWN
A0A1D6F7H5	Patatin	-3,217506588	-2,972102171	DOWN	DOWN
B6THU9	Peroxidase	-2,857310055	-1,68507578	DOWN	DOWN
Q9ATM7	Aquaporin PIP2-3	-1,56348324	-1,72778676	DOWN	DOWN
Q9ATM6	Aquaporin PIP2-4	-1,494727161	-2,360022884	DOWN	DOWN
A0A804NSA7	Glyoxylate/succinic semialdehyde reductase 1	-1,672712995	-1,418180717	DOWN	DOWN
A0A804PXF1	AAA+ ATPase domain-containing protein	-1,432504083	-1,794276595	DOWN	DOWN
A0A804LU83	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit beta	-1,256430546	-0,8036304882	DOWN	DOWN
A0A1D6F1Q8	alanine transaminase	-2,279565515	-2,886720472	DOWN	DOWN
A0A804R8A0	AAA+ ATPase domain-containing protein	-1,865980515	-3,656482697	DOWN	DOWN
A0A1D6EC46	Double Clp-N motif-containing P-loop nucleoside triphosphate hydrolase superfamily protein	-1,016586504	-0,5978184242	DOWN	DOWN
B4FRC6	Peptidase A1 domain-containing protein	-1,156674061	-1,708118748	DOWN	DOWN
B4FCL1	Plastocyanin	-1,334467663	-3,13962183	DOWN	DOWN
Q9FQB2	Glutathione S-transferase	-2,034132267	-3,58576577	DOWN	DOWN

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A804Q121	Mitochondrial dicarboxylate/tricarboxylate transporter DTC	-0,9108128292	-1,40361602	DOWN	DOWN
B4BFB6	Mitochondrial dicarboxylate/tricarboxylate transporter DTC	-0,6777095262	-1,272905886	DOWN	DOWN
Q06509	Caffeic acid 3-O-methyltransferase	-2,747698427	-1,813689347	DOWN	DOWN
Q5IBC6	DANA2	-1,718361613	-2,344488192	DOWN	DOWN
B4FWI4	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	-0,7779856935	-1,270940653	DOWN	DOWN
A0A804NE52	beta-galactosidase	-0,734642869	-1,463413192	DOWN	DOWN
A0A1D6L6A9	Malate dehydrogenase	-1,767883947	-1,337155919	DOWN	DOWN
A0A804REW8	GDSL esterase/lipase	-0,5964391604	-1,073012425	DOWN	DOWN
A0A804LQP1	Shikimate kinase family protein	-1,901382741	-2,707727995	DOWN	DOWN
A0A804QLJ0	Mitochondrial glycoprotein family protein	-0,8895872744	-2,024102187	DOWN	DOWN
Q9ATM8	Aquaporin PIP2-2	-1,062065638	-1,35772983	DOWN	DOWN
A0A1X7YHF7	Photosystem II D2 protein	-1,8874635	-3,015974461	DOWN	DOWN
A0A804PTC6	Photosystem II stability/assembly factor	-2,012635016	-3,723669895	DOWN	DOWN
B6TR16	PSI-K	-3,149655669	-4,867423777	DOWN	DOWN
P55005	Beta-amylase	-1,528336312	-2,206086494	DOWN	DOWN
P05642	Cytochrome b6	-1,973340165	-4,24782093	DOWN	DOWN
A0A804NWE9	GDSL esterase/lipase	-2,164739103	-1,722845836	DOWN	DOWN

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A804PSB8	6-phosphogluconate dehydrogenase_ decarboxylating	-1,168946282	-0,8106500584	DOWN	DOWN
Q9ZT00	Ribulose bisphosphate carboxylase/oxygenase activase_ chloroplastic	-3,429900609	-4,540348224	DOWN	DOWN
A0A804PK02	glycerophosphodiester phosphodiesterase	-1,45268632	-1,21538139	DOWN	DOWN
B6SGQ2	SAM domain family protein	-0,7856553773	-1,289318702	DOWN	DOWN
K7TK74	Putative alcohol dehydrogenase superfamily protein	-1,221035793	-2,236506216	DOWN	DOWN
A0A804RDR1	Dihydrolipoamide acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex	-1,058251482	-1,387389813	DOWN	DOWN
B6TDR5	geranylgeranyl diphosphate reductase	-0,876794694	-1,351370294	DOWN	DOWN
B4FYQ7	Early nodulin-like protein 16	-1,94557431	-1,556949001	DOWN	DOWN
A0A804MNZ4	Glucose-6-phosphate isomerase	-0,8206631311	-2,833501329	DOWN	DOWN
A0A804PM63	Uncharacterized protein	-1,582248076	-1,260213206	DOWN	DOWN
B4FT76	ABC transporter I family member 6 chloroplastic	-0,985579462	-2,083495333	DOWN	DOWN
B4FXB0	Chlorophyll a-b binding protein_ chloroplastic	-3,670323369	-3,169766149	DOWN	DOWN
B6SGM5	Putative voltage-gated potassium channel subunit beta	-1,226467341	-0,6416018565	DOWN	DOWN
A0A804QQU6	RNA helicase	-0,6089655267	-2,678639074	DOWN	DOWN

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A1D6E501	3-isopropylmalate dehydrogenase	-1,000804182	-1,294276863	DOWN	DOWN
A0A1D6HBS0	Ras-related protein RABB1a	-0,7801458806	-0,7046089662	DOWN	DOWN
A0A5P8KLV9	Photosystem I P700 chlorophyll a apoprotein A2	-1,957098033	-3,248726337	DOWN	DOWN
B4FR32	NADP-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	-2,060178555	-2,197538623	DOWN	DOWN
A0A804LY71	Alpha-galactosidase	-2,215129445	-2,122706821	DOWN	DOWN
A0A096RG04	SOUL heme-binding family protein	-1,713576011	-1,372275896	DOWN	DOWN
C0P9R5	Outer envelope pore protein 24A chloroplastic	-0,5866514616	-1,349848723	DOWN	DOWN
P49103	Ras-related protein Rab-2-A	-0,8367417152	-0,6529806833	DOWN	DOWN
K7VN08	ATP synthase B chain	-3,748680091	-4,042202273	DOWN	DOWN
C0P5U0	Protoporphyrinogen oxidase	-2,374815986	-3,50485002	DOWN	DOWN
A0A804LEC3	ribulose-phosphate 3-epimerase	-1,925631882	-2,321990204	DOWN	DOWN
A0A804RIS7	Long-chain-fatty-acid--CoA ligase	-2,009759356	-2,024712117	DOWN	DOWN
A0A1D6N0K3	Peroxidase	-1,475088028	-1,327975823	DOWN	DOWN
A0A804PTJ9	Cupin type-1 domain-containing protein	-1,750997948	-2,239411912	DOWN	DOWN
P19124	NAD(P)H-quinone oxidoreductase subunit J_ chloroplastic	-1,471153749	-3,616631437	DOWN	DOWN
B4FSZ7	Putative mitochondrial-processing peptidase subunit alpha-2 chloroplastic/mitochondrial	-0,8536789813	-0,7467111253	DOWN	DOWN

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A096S2Q4	ATP-dependent zinc metalloprotease FTSH 5 chloroplastic	-2,132841575	-3,993643539	DOWN	DOWN
A0A804NT91	GrpE protein homolog	-1,54576474	-2,33643737	DOWN	DOWN
A0A804PNL1	Peptidase M16C associated domain-containing protein	-1,666310951	-2,273815093	DOWN	DOWN
A0A1D6EU26	3-dehydroquinate synthase	-0,6098205442	-0,7932498788	DOWN	DOWN
B4FUZ2	Dihydrolipoamide acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex	-0,9395393419	-1,063392821	DOWN	DOWN
A0A804UIB7	Alternative NAD(P)H-ubiquinone oxidoreductase C1_ chloroplastic/mitochondrial	-1,471217756	-1,431314304	DOWN	DOWN
A0A804R233	Monocopper oxidase-like protein SKU5	-1,702020286	-1,855461464	DOWN	DOWN
A0A804UFI5	Aminotransferase class I/classII domain-containing protein	-1,429915443	-1,550600576	DOWN	DOWN
A0A1D6JFG0	Beta-D-xylosidase 4	-0,9684037424	-1,375615903	DOWN	DOWN
B4F9W1	Uncharacterized protein	-0,7093003358	-1,728764062	DOWN	DOWN
A0A1D6MIA3	Phospholipase A1-Igama1 chloroplastic	-2,152008654	-1,850497656	DOWN	DOWN
B4FVU4	Alpha/beta hydrolase fold-3 domain-containing protein	-1,355892908	-1,575641947	DOWN	DOWN
C4JAX7	UDP-sulfoquinovose synthase chloroplastic	-1,720564689	-1,79899875	DOWN	DOWN

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
P04966	Photosystem I P700 chlorophyll a apoprotein A1	-2,229304761	-3,747655355	DOWN	DOWN
K7USR3	magnesium-protoporphyrin IX monomethyl ester (oxidative) cyclase	-1,949089262	-2,568305429	DOWN	DOWN
B4FBN8	Chitinase 1	-1,182569129	-1,492924366	DOWN	DOWN
A0A804PZZ8	Patellin-5	-2,305108069	-2,116036082	DOWN	DOWN
A0A1D6KJW6	5'-methylthioadenosine/S-adenosylhomocysteine nucleosidase 2	-1,520232614	-1,324076844	DOWN	DOWN
K7TH21	cinnamyl-alcohol dehydrogenase	-2,117506083	-3,352071808	DOWN	DOWN
C0P4P5	non-reducing end alpha-L-arabinofuranosidase	-1,735908584	-1,408784884	DOWN	DOWN
A0A804M3Y4	beta-glucosidase	-2,228377306	-2,625552261	DOWN	DOWN
A0A804UCT7	tryptophan synthase	-0,7558748052	-1,196753201	DOWN	DOWN
K7TWH1	peptidylprolyl isomerase	-0,6670586445	-2,114737861	DOWN	DOWN
A0A1D6KWW2	Subtilisin-like protease	-1,710448537	-2,775921803	DOWN	DOWN
B4G1T3	chitinase	-3,456926135	-4,12414827	DOWN	DOWN
C4IYM7	Mitochondrial outer membrane protein porin 2	-1,335251509	-1,497526604	DOWN	DOWN
A0A804LY89	Protein TIC110 chloroplastic	-0,7006316139	-1,133861537	DOWN	DOWN
A0A804MIU2	Fe-S cluster assembly factor HCF101_ chloroplastic	-1,116382331	-1,644107392	DOWN	DOWN
A0A804PBC5	ACT domain-containing protein ACR	-1,058949637	-2,508118309	DOWN	DOWN

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A804PNJ8	Fe2OG dioxygenase domain-containing protein	-2,334271708	-3,191840641	DOWN	DOWN
A5GZ73	Glucose-1-phosphate adenylyltransferase	-1,630803438	-3,323716757	DOWN	DOWN
B6SS34	PsbP domain-containing protein 1 chloroplastic	-0,6694937497	-2,738760579	DOWN	DOWN
A0A804NZC5	Glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase subunit B_ chloroplastic/mitochondrial	-0,7980842511	-1,857865381	DOWN	DOWN
C0P8E3	GDSL esterase/lipase	-1,631378448	-1,630166302	DOWN	DOWN
A0A1D6DWL7	Glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase subunit A_ chloroplastic/mitochondrial	-1,739786265	-3,161971249	DOWN	DOWN
B4F988	ATP-dependent zinc metalloprotease FTSH 6 chloroplastic	-1,341902229	-0,8376589384	DOWN	DOWN
A0A804NK24	phosphoserine phosphatase	-0,7666959112	-1,762838021	DOWN	DOWN
B4FH99	Thylakoid lumenal protein TL20.3 chloroplastic	-0,7983458918	-2,549313739	DOWN	DOWN
A0A1D6HKN1	Putative beta-D-xylosidase 7	-0,8587912271	-0,9749614214	DOWN	DOWN
B6TB55	4-(cytidine 5'-diphospho)-2-C-methyl-D-erythritol kinase	-1,853768345	-1,842561128	DOWN	DOWN
A0A1D6L0I4	Adenylosuccinate synthetase_ chloroplastic	-1,410767009	-1,925843088	DOWN	DOWN
A0A1D6HT50	polyribonucleotide nucleotidyltransferase	-0,6234090226	-1,399955975	DOWN	DOWN

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A1D6K5D2	protein-disulfide reductase	-1,396184304	-1,192790043	DOWN	DOWN
B4F946	Tubulin beta chain	-0,7474209621	-0,2821690539	DOWN	UNCHANGED
B4FRH8	Actin-7	-0,6158322533	-0,1702758996	DOWN	UNCHANGED
P62787	Histone H4	-0,6073352505	0,4618564009	DOWN	UNCHANGED
P19656	Non-specific lipid-transfer protein	-2,681732913	-2,334663527	DOWN	UNCHANGED
B4FKM1	Guanine nucleotide-binding protein beta subunit-like protein	-3,811339426	0,4339583518	DOWN	UNCHANGED
A0A1D6N6H1	Actin-7	-1,706419604	-0,04463221614	DOWN	UNCHANGED
O24583	Non-specific lipid-transfer protein	-3,625260724	-3,179378773	DOWN	UNCHANGED
	5-				
A0A804M1R0	methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine S-methyltransferase	-1,254069588	-0,4871437287	DOWN	UNCHANGED
A0A804LUD0	14-3-3 domain-containing protein	-0,7201885891	-0,09055745984	DOWN	UNCHANGED
A0A1D6E5Z0	Phenylalanine ammonia-lyase	-1,465060101	-0,3714519615	DOWN	UNCHANGED
Q06XS3	Lipoxygenase	-0,9899289307	-0,4185464971	DOWN	UNCHANGED
A0A804MJF9	O-methyltransferase ZRP4	-2,241479721	-0,1129366386	DOWN	UNCHANGED
B4FAE1	Ras-related protein RABD2c	-0,8389659051	-0,2290542114	DOWN	UNCHANGED
K7UXK5	Putative alcohol dehydrogenase superfamily protein	-0,6831571383	-0,5311466176	DOWN	UNCHANGED
B6SLE7	Legumin-like protein	-0,659331717	-0,04027874203	DOWN	UNCHANGED
P46420	Glutathione S-transferase 4	-2,392786293	-0,8795655252	DOWN	UNCHANGED
A0A804MZX1	Uncharacterized protein	-1,028074903	-0,03381172496	DOWN	UNCHANGED
B4FB55	Ras-related protein ARA-3	-0,8003087005	-0,6795233179	DOWN	UNCHANGED

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
C0PC61	Aldolase-type TIM barrel family protein	-0,6576406266	-0,3098901156	DOWN	UNCHANGED
A0A804QA41	Aquaporin PIP2-1	-1,889701696	-0,07549154927	DOWN	UNCHANGED
A0A3L6FNH2	ATP citrate synthase	-0,8218394305	-0,4665187983	DOWN	UNCHANGED
B6SMQ5	Triose phosphate isomerase5	-1,923062556	-1,452148509	DOWN	UNCHANGED
P48184	Photosystem II D2 protein	-0,9831797366	-	DOWN	UNCHANGED
A0A804Q3A7	V-type proton ATPase subunit C	-1,952394242	-0,4917352396	DOWN	UNCHANGED
B4FAM6	60S ribosomal protein L13a-1	-0,748488644	0,6348731848	DOWN	UNCHANGED
A0A804NE51	Malic enzyme	-0,9253975311	-0,3095074871	DOWN	UNCHANGED
B6T3V1	Peroxidase	-1,127638176	0,1898784389	DOWN	UNCHANGED
A0A1D6EDQ6	acetyl-CoA carboxylase	-0,7723700402	-0,4181722368	DOWN	UNCHANGED
A0A804PBV9	Acetyl-CoA carboxylase	-1,874704344	-0,9902232845	DOWN	UNCHANGED
A0A804NIZ3	V-type proton ATPase subunit C	-1,26686511	-0,4253579063	DOWN	UNCHANGED
A0A1D6L210	NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 1 mitochondrial	-0,8002382466	-0,1122161844	DOWN	UNCHANGED
A0A804M912	Plasma membrane ATPase	-1,871091832	-0,5029483609	DOWN	UNCHANGED
B4G195	Glutamate-oxaloacetate transaminase5	-1,098933394	-0,363601441	DOWN	UNCHANGED
B6U0C2	Phenazine biosynthesis PhzC/PhzF protein	-1,921978825	-0,1130847996	DOWN	UNCHANGED
C4JBB8	Heat shock 70 kDa protein 9 mitochondrial	-0,6739534196	-0,4583078293	DOWN	UNCHANGED
A0A804NA71	Aminotransferase class I/classII domain-containing protein	-1,941084392	-0,1451315591	DOWN	UNCHANGED

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
C0HHH9	Stress-response A/B barrel domain-containing protein UP3	-0,9085057258	-0,9562499117	DOWN	UNCHANGED
A0A804QIX8	3-dehydroquinase synthase	-0,7667105906	-0,6803471392	DOWN	UNCHANGED
A0A804MAH5	Uncharacterized protein	-0,72627766	0,1955014025	DOWN	UNCHANGED
A0A1D6KC46	Hsp20/alpha crystallin family protein	-1,313533545	0,2749567202	DOWN	UNCHANGED
K7VX77	Phosphotransferase	-0,603450446	0,5171680996	DOWN	UNCHANGED
A0A804UKW3	Diaminopimelate decarboxylase_chloroplastic	-0,6179463801	-	DOWN	UNCHANGED
A0A804P187	Aldehyde dehydrogenase	-1,544660156	-0,4110125097	DOWN	UNCHANGED
A0A804P5R0	Coatmer gamma subunit appendage Ig-like subdomain domain-containing protein	-0,8707449184	-0,4445193745	DOWN	UNCHANGED
B6TLM5	Glutathione S-transferase	-1,327029722	-0,25778068	DOWN	UNCHANGED
C0P7L5	Aspartic proteinase A1	-0,6176279366	-0,3773110467	DOWN	UNCHANGED
C0P4M0	monodehydroascorbate reductase (NADH)	-0,99220381	-0,5155536804	DOWN	UNCHANGED
K7VAS4	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit M	-0,7346155885	0,3272430367	DOWN	UNCHANGED
A0A804QDF1	Alpha/beta hydrolase fold-3 domain-containing protein	-0,6355542442	-0,3741202074	DOWN	UNCHANGED
A0A804RGI3	shikimate dehydrogenase (NADP(+))	-1,206869855	-0,4171272746	DOWN	UNCHANGED
B8A2Q4	Peptidase M1 family protein	-0,6918810443	-0,6644223322	DOWN	UNCHANGED
B4FTW8	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 13 homolog A	-0,8381603849	-0,3277948479	DOWN	UNCHANGED

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
B6TQI8	Dirigent protein	-2,003087019	-	DOWN	-
A0A804N7H5	HP domain-containing protein	-0,9149706579	-	DOWN	-
A0A1D6F1Y3	Ras-related protein RABH1e	-1,209641722	-	DOWN	-
A0A1D6LKG8	Magnesium protoporphyrin IX methyltransferase chloroplastic	-3,385456431	-	DOWN	-
P05643	Cytochrome b6-f complex subunit 4	-2,500506745	-	DOWN	-
A0A804PCP6	KOW domain-containing protein	-1,755801894	-	DOWN	-
B6TVL4	Calcium sensing receptor_ chloroplastic	-1,696038395	-	DOWN	-
A0A804QWE2	Uroporphyrinogen decarboxylase (URO-D) domain-containing protein	-0,8246607377	-	DOWN	-
C0PFV4	Chaperone protein ClpC1 chloroplastic	-1,416782976	-	DOWN	ÚNICA_CONT ROLE
B4FIM3	Uroporphyrinogen decarboxylase	-1,822966345	-	DOWN	ÚNICA_CONT ROLE
A0A804N6V2	Translation elongation factor G	-2,207662263	-	DOWN	ÚNICA_CONT ROLE
A0A804QTL2	Uncharacterized protein	-0,8311932109	-	DOWN	ÚNICA_CONT ROLE
A0A804ML65	prolyl aminopeptidase	-	0,9018045925	ÚNICA_C ONTROLE	UP
K7U9F9	GDP-mannose 3_5-epimerase 2 isoform 1	-	2,114231487	ÚNICA_C ONTROLE	UP
B6TNF1	Calnexin	-	0,5906694244	ÚNICA_C ONTROLE	UP

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
B4FL55	Chlorophyll a-b binding protein_ chloroplastic	-	-3,844505743	ÚNICA_C ONTROLE	DOWN
P11155	Pyruvate_ phosphate dikinase 1_ chloroplastic	-	-3,82429513	ÚNICA_C ONTROLE	DOWN
B4FAR8	Proteasome subunit alpha type	-	-1,856072596	ÚNICA_C ONTROLE	DOWN
O24561	Chlorophyll a-b binding protein_ chloroplastic	-	-3,403135985	ÚNICA_C ONTROLE	DOWN
B4FUM2	Ferredoxin--NADP reductase_ chloroplastic	-	-1,706000898	ÚNICA_C ONTROLE	DOWN
B4FEP4	Ras-related protein ARA-4	-	-0,7367205459	ÚNICA_C ONTROLE	DOWN
A0A804QPC7	Importin subunit alpha	-	-1,947850984	ÚNICA_C ONTROLE	DOWN
P16166	Anthocyanidin 3-O-glucosyltransferase	-	-3,071692076	ÚNICA_C ONTROLE	DOWN
B4FBH0	Peroxidase	-	-2,255789483	ÚNICA_C ONTROLE	DOWN
K7VSH0	Methylesterase 3	-	-2,561936816	ÚNICA_C ONTROLE	DOWN
A0A804PF46	4-coumarate--CoA ligase	-	-3,038180322	ÚNICA_C ONTROLE	DOWN
K7U6M0	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	-	-2,089724768	ÚNICA_C ONTROLE	DOWN
B6SKA0	glutathione transferase	-	-0,1684032636	ÚNICA_C ONTROLE	UNCHANGED

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
B4FPT7	Polyubiquitin 2	-	0,2689361407	ÚNICA_C ONTROLE	UNCHANGED
A0A1D6HDL5	Phenylalanine ammonia-lyase	-	-0,2619423222	ÚNICA_C ONTROLE	UNCHANGED
B4FRJ1	Malate dehydrogenase	-	-0,2640515171	ÚNICA_C ONTROLE	UNCHANGED
A0A1D6EGN6	adenosylhomocysteinase	-	-	ÚNICA_C ONTROLE	UNCHANGED
A0A804NCD4	NAD(P)H dehydrogenase (quinone)	-	-	ÚNICA_C ONTROLE	UNCHANGED
B4FWA9	Alcohol dehydrogenase-like C-terminal domain-containing protein	-	-0,1096949551	ÚNICA_C ONTROLE	UNCHANGED
A0A1D6HI58	Pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit alpha 2	-	0,138160475	ÚNICA_C ONTROLE	UNCHANGED
A0A804MDT6	Polyadenylate-binding protein	-	0,0591060523	ÚNICA_C ONTROLE	UNCHANGED
A0A804NZZS2	Ubiquitin-like domain-containing protein	-	-0,2675837973	ÚNICA_C ONTROLE	UNCHANGED
K7VH58	Peroxidase	-	-	ÚNICA_C ONTROLE	-
B7ZYV4	Arginine decarboxylase	-	-	ÚNICA_C ONTROLE	-
A0A804PH50	Rhodanese domain-containing protein	-	-	ÚNICA_C ONTROLE	-

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
B6TJA9	Chalcone-flavonone isomerase family protein	-	-	ÚNICA_C ONTROLE	-
B4FUT1	Peroxidase	-	-	ÚNICA_C ONTROLE	-
A0A1D6LPQ2	alpha-glucosidase	-	-	ÚNICA_C ONTROLE	-
B4G1K9	Photosystem I reaction center subunit V_ chloroplastic	-	-	ÚNICA_C ONTROLE	-
B4F9Z5	3-ketoacyl-CoA synthase	-	-	ÚNICA_C ONTROLE	-
B4F7T9	Peroxidase	-	-	ÚNICA_C ONTROLE	-
A0A804NTK6	Phenylalanine ammonia-lyase	-	-	ÚNICA_C ONTROLE	ÚNICA_CONT ROLE
A0A804PF87	hydroxymethylbilane synthase	-	-	ÚNICA_C ONTROLE	ÚNICA_CONT ROLE
A0A1D6EEX1	Natterin-4	-	-	ÚNICA_C ONTROLE	ÚNICA_CONT ROLE
A0A804PQW4	Histidine kinase/HSP90-like ATPase domain-containing protein	-	-	ÚNICA_C ONTROLE	ÚNICA_CONT ROLE
C0PCL0	PET hydrolase-like domain-containing protein	-	-	ÚNICA_C ONTROLE	ÚNICA_CONT ROLE
C0P626	Carbonic anhydrase	-	-	ÚNICA_C ONTROLE	ÚNICA_CONT ROLE
B4FRL3	Alpha/beta hydrolase fold-3 domain-containing protein	-	-	ÚNICA_C ONTROLE	ÚNICA_CONT ROLE

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
B6SSU6	fructose-bisphosphate aldolase	-	-	ÚNICA_C ONTROLE	ÚNICA_CONT ROLE
B4FJP7	Photosynthetic NDH subunit of subcomplex B 2 chloroplastic	-	-	ÚNICA_C ONTROLE	ÚNICA_CONT ROLE
P52580	Isoflavone reductase homolog IRL	-	-	ÚNICA_C ONTROLE	ÚNICA_CONT ROLE
A0A804RB13	Photosynthetic NDH subunit of subcomplex B 2 chloroplastic	-	-	ÚNICA_C ONTROLE	ÚNICA_CONT ROLE
B4F9J1	Beta-galactosidase	-	-	ÚNICA_C ONTROLE	ÚNICA_CONT ROLE
O22453	40S ribosomal protein S4	-	-	ÚNICA_C ONTROLE	ÚNICA_ESTR ESSE
A0A804Q0N4	Phospholipase D	-	-	ÚNICA_C ONTROLE	ÚNICA_ESTR ESSE
A0A804NB58	Uncharacterized protein	-	2,079499611	ÚNICA_E STRESSE	UP
A0A1D6PSX8	O-methyltransferase ZRP4	-	3,114172766	ÚNICA_E STRESSE	UP
B4FUS2	Ribosomal protein S18	-	3,035762634	ÚNICA_E STRESSE	UP
B6UGS5	Dehydrin Xero 1	-	3,862832648	ÚNICA_E STRESSE	UP
A0A804LZS1	Serine/threonine-protein phosphatase	-	1,108723345	ÚNICA_E STRESSE	UP
A0A804MRB9	Aconitate hydratase	-	3,388994591	ÚNICA_E STRESSE	UP

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
C0HIT1	Peroxidase	-	3,51598422	ÚNICA_E STRESSE	UP
B4FZU8	Malate dehydrogenase	-	-0,8250906462	ÚNICA_E STRESSE	DOWN
A0A804UHV0	Phenylalanine ammonia-lyase	-	-1,860946188	ÚNICA_E STRESSE	DOWN
P11143	Heat shock 70 kDa protein	-	-	ÚNICA_E STRESSE	UNCHANGED
A0A804PVH3	Vacuolar proton pump subunit B	-	-0,4166895117	ÚNICA_E STRESSE	UNCHANGED
A0A1D6MAI5	Putative mitochondrial-processing peptidase subunit alpha-2 chloroplastic/mitochondrial	-	-	ÚNICA_E STRESSE	UNCHANGED
A0A1D6LQK5	Ubiquitin3	-	-	ÚNICA_E STRESSE	UNCHANGED
K7VKH1	Tubulin alpha chain	-	-	ÚNICA_E STRESSE	UNCHANGED
A0A0B4J3B1	Ras-related protein RABD1	-	-	ÚNICA_E STRESSE	UNCHANGED
A0A1D6HIF8	ADP/ATP translocase	-	0,2295865119	ÚNICA_E STRESSE	UNCHANGED
A0A804Q8W4	glutaredoxin-dependent peroxiredoxin	-	-	ÚNICA_E STRESSE	UNCHANGED
B6SSB9	Plastocyanin	-	-	ÚNICA_E STRESSE	UNCHANGED

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A804RBK3	Ferritin	-	-	ÚNICA_E STRESSE	UNCHANGED
A0A1D6J2J3	Beta-glucosidase 17	-	0,7744540684	ÚNICA_E STRESSE	UNCHANGED
A0A804PIN5	Uncharacterized protein	-	-	ÚNICA_E STRESSE	UNCHANGED
C0PGM3	Globulin-1 S allele	-	-	ÚNICA_E STRESSE	UNCHANGED
A0A804LD07	Catalase	-	-	ÚNICA_E STRESSE	UNCHANGED
A0A1D6KJ07	N-acyl-aliphatic-L-amino acid amidohydrolase	-	0,4773287473	ÚNICA_E STRESSE	UNCHANGED
A0A804PAF3	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 8	-	-	ÚNICA_E STRESSE	-
B4FFK9	Oil body-associated protein 2A	-	-	ÚNICA_E STRESSE	-
A0A804Q342	UspA domain-containing protein	-	-	ÚNICA_E STRESSE	-
A0A1D6HTN8	Xylanase inhibitor protein 1	-	-	ÚNICA_E STRESSE	-
A0A804PZ97	FAS1 domain-containing protein	-	-	ÚNICA_E STRESSE	ÚNICA_CONT ROLE
A0A804NX50	60S ribosomal protein L35a-3	-	-	ÚNICA_E STRESSE	ÚNICA_ESTR ESSE
A0A804NRW6	40S ribosomal protein S14	-	-	ÚNICA_E STRESSE	ÚNICA_ESTR ESSE

Tabela 5. Cont

ID	Função	log2FC		Regulação Diferencial	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
B4F9E8	17.4 kDa class III heat shock protein	-	-	ÚNICA_E STRESSE	ÚNICA_ESTR ESSE
A0A804LJN9	phosphoglycerate mutase (2_3- diphosphoglycerate-independent)	-	-	ÚNICA_E STRESSE	ÚNICA_ESTR ESSE
A0A1D6F0W7	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	-	-	ÚNICA_E STRESSE	ÚNICA_ESTR ESSE
B6SGF3	Glyoxalase family protein superfamily	-	-	ÚNICA_E STRESSE	ÚNICA_ESTR ESSE
A0A804R153	Malic enzyme	-	-	ÚNICA_E STRESSE	ÚNICA_ESTR ESSE
A0A1D6KL56	Glutamate decarboxylase	-	-	ÚNICA_E STRESSE	ÚNICA_ESTR ESSE
A0A1D6LLR9	Ribonucleoside-diphosphate reductase	-	-	ÚNICA_E STRESSE	ÚNICA_ESTR ESSE
Q41815	Heat shock protein 26	-	-	ÚNICA_E STRESSE	ÚNICA_ESTR ESSE
E9JVD4	Aldose reductase	-	-	ÚNICA_E STRESSE	ÚNICA_ESTR ESSE
B7ZXR4	Heat shock 70 kDa protein 8	-	-	ÚNICA_E STRESSE	ÚNICA_ESTR ESSE
A0A804N8K4	Dynamin-type G domain-containing protein	-	-	ÚNICA_E STRESSE	ÚNICA_ESTR ESSE

Tabela 6. Proteínas diferencialmente acumuladas (DAPs) no sistema radicular de plântulas de milho pipoca na condição de estresse osmótico. TS/TC (linhagem tolerante na condição estresse/ linhagem tolerante na condição controle) e SS/SC (linhagem sensível na condição estresse/ linhagem sensível na condição controle)

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A804LJK4	Hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	2,420383295	1,297727496	UP	UP
B4FWP0	Fructose-bisphosphate aldolase	1,3268947	0,8825168102	UP	UP
B4FAL9	Fructose-bisphosphate aldolase	1,665756404	0,7929354705	UP	UP
B4FNI0	Peroxidase	1,462380365	0,674751478	UP	UP
A0A804NG48	GTP-binding nuclear protein	2,012902663	0,8087842409	UP	UP
A0A1D6LSP5	Elongation factor gamma1	1,421856404	0,9248949802	UP	UP
A0A1D6KCZ2	alanine transaminase	1,788883084	1,003366871	UP	UP
K7UY19	Fructose-bisphosphate aldolase	0,7796803487	0,7219456329	UP	UP

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
C0P429	UTP--glucose-1-phosphate uridylyltransferase	1,282033435	1,215883336	UP	UP
A0A1D6F844	NAD(P)-binding Rossmann-fold superfamily protein	1,442087208	2,057691063	UP	UP
P46252	Large ribosomal subunit protein P2A	1,604060243	0,7153889693	UP	UP
A0A804R6F0	Elongation factor 1-gamma 2	1,668227447	1,463440186	UP	UP
A0A804LD34	Small ribosomal subunit protein uS2	1,210571112	1,211846426	UP	UP
K7W544	Putative carboxylesterase 2	1,695572693	0,9697985724	UP	UP
A0A804LY76	Alpha-galactosidase	1,640606712	0,9187521209	UP	UP
B4FUI0	NAD-dependent epimerase/dehydratase domain-containing protein	0,8622219939	0,9975242595	UP	UP
A0A1D6E513	inorganic diphosphatase	3,997269767	2,753246439	UP	UP
A0A804PI54	Aspartate aminotransferase	1,700130631	0,6956056337	UP	UP
B4FQM2	Pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit beta	1,786526532	0,7523517365	UP	UP
B6SGB6	Pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-	1,427365757	1,016257289	UP	UP

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
	phosphotransferase subunit alpha				
B4FSN1	Thiolase1	1,151063265	0,8298137135	UP	UP
A0A804UAX0	GST N-terminal domain-containing protein	1,211177795	1,30091444	UP	UP
B6TN41	4-hydroxy-4-methyl-2-oxoglutarate aldolase	2,167344715	1,894434102	UP	UP
C0PCM5	Xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase	2,480478052	2,630744627	UP	UP
A0A1D6E7A7	DUF642 domain-containing protein	0,8729513232	1,256737839	UP	UP
A0A3L6ER98	NAD-dependent epimerase/dehydratase domain-containing protein	1,273095911	0,900452263	UP	UP
A0A804NA49	Patellin-5	1,178268787	0,8271414693	UP	UP
A0A804PDV3	Beta-fructofuranosidase	1,318365943	1,361149575	UP	UP
C0HIJ2	Glutamine synthetase	2,940416535	0,773526039	UP	UP
C0HEH4	O-methyltransferase family protein	1,228433648	0,7069001289	UP	UP
B4F9J1	Beta-galactosidase	0,6946009253	0,5985789483	UP	UP
C0P567	Pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit beta	1,571838613	-	UP	ÚNICA_ESTRESSE

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A804MJF9	O-methyltransferase ZRP4	1,650795881	-0,7313842679	UP	DOWN
A0A1D6N4X2	60S ribosomal protein L5-1 homolog a	2,570482581	-1,307304996	UP	DOWN
A0A1D6Q188	Callose synthase 7	2,458848855	-0,9775243039	UP	DOWN
B7ZZ56	Glycosyltransferase	2,332806587	-1,33146267	UP	DOWN
A0A1D6H6Y2	Putative elongation factor 1-gamma 2	1,982586806	-	UP	ÚNICA_CONTROLE
A0A804PDW7	Luminal-binding protein 5	0,7166510709	0,2578719075	UP	UNCHANGED
O24581	Luminal-binding protein 3	1,438295613	-0,07197744212	UP	UNCHANGED
C4J410	Heat shock 70 kDa protein	1,593350691	0,3470126548	UP	UNCHANGED
Q8W1C9	60S ribosomal protein L33-B	3,508606554	0,5370524419	UP	UNCHANGED
B6SKA0	glutathione transferase	1,615235439	0,1434655458	UP	UNCHANGED
C0HGV5	phosphopyruvate hydratase	0,7262407707	0,1906254772	UP	UNCHANGED
A0A804NBQ9	phosphoglycerate mutase (2_3-diphosphoglycerate-independent)	1,173948575	0,1894542962	UP	UNCHANGED
K7VJF3	Heat shock 70 kDa protein 5	0,8869819138	0,5255072324	UP	UNCHANGED
P29023	Endochitinase B	3,849830069	2,900129856	UP	UNCHANGED
A0A1D6MXK3	Jasmonate-induced protein	3,658147518	1,170719275	UP	UNCHANGED

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
P80607	Probable UDP-arabinopyranose mutase 1	1,570048434	0,5587200186	UP	UNCHANGED
A0A804NTK3	Adenosine kinase	0,8221998629	-0,4797054319	UP	UNCHANGED
B4FRG1	14-3-3-like protein	1,366282572	0,3644717677	UP	UNCHANGED
C0P455	60S ribosomal protein L4- 1	4,829804631	0,2063071838	UP	UNCHANGED
Q29SB6	Pathogenesis-related protein 10	1,477234976	-0,3960146747	UP	UNCHANGED
B4FH68	Peroxidase	0,7952170224	0,1721818306	UP	UNCHANGED
C0PKS1	Peroxidase	0,8952544701	0,4971795395	UP	UNCHANGED
B4FUK7	Hydroxyproline-rich glycoprotein family protein	2,999725813	0,8803948907	UP	UNCHANGED
B6SYS9	60S ribosomal protein L30	3,148358312	1,240806076	UP	UNCHANGED
B8A377	Cysteine synthase	1,690263774	0,4104437903	UP	UNCHANGED
P62787	Histone H4	0,6907812791	-0,3805127237	UP	UNCHANGED
A0A804MWG4	Large ribosomal subunit protein uL4 C-terminal domain-containing protein	2,555990192	-0,005227612428	UP	UNCHANGED
A0A804MCY5	Peroxidase	2,05867135	0,6600390171	UP	UNCHANGED
B4FZZ2	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	2,343916632	1,036329669	UP	UNCHANGED
B4FN19	60S ribosomal protein L12-3	5,075211355	1,146477519	UP	UNCHANGED
B4FSG4	Jasmonate-induced protein	2,295073224	0,4338723858	UP	UNCHANGED

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
Q5XLE1	peptidylprolyl isomerase	2,62221352	1,098627628	UP	UNCHANGED
B4F8M8	beta-glucosidase	0,8308081771	0,5131496098	UP	UNCHANGED
P23345	Superoxide dismutase [Cu-Zn] 4A	2,268511019	0,4038463669	UP	UNCHANGED
B4FZU8	Malate dehydrogenase	2,304422304	0,1917770616	UP	UNCHANGED
B7ZYX8	UDP-glucose 6- dehydrogenase	1,106698568	0,1999172381	UP	UNCHANGED
Q8W0V2	Lipoxygenase	1,344163932	-0,2385406853	UP	UNCHANGED
A0A804RED0	Uncharacterized protein	1,420106142	0,4815762647	UP	UNCHANGED
A0A1D6FSS5	NAD(P)H dehydrogenase (quinone)	2,563751898	0,3566737876	UP	UNCHANGED
A2SZW8	1-Cys peroxiredoxin PER1	3,55072506	1,892036884	UP	UNCHANGED
A0A804MZV7	Histone H2B	2,677245307	0,1817065056	UP	UNCHANGED
A0A804N5U4	Jasmonate-induced protein	2,258087663	0,6452736151	UP	UNCHANGED
A0A804M3I9	Alcohol dehydrogenase 1	1,51753664	0,8173963163	UP	UNCHANGED
A0A804M720	Mevalonate kinase	0,8948168753	-0,1480583108	UP	UNCHANGED
B4FWR7	60S ribosomal protein L13	1,605108668	-0,04186260757	UP	UNCHANGED
B6T3V1	Peroxidase	2,637294173	1,388183202	UP	UNCHANGED
B4FCK9	60S ribosomal protein L22-2	2,598307676	0,5542892601	UP	UNCHANGED
B4FPT8	60S ribosomal protein L10-3	1,481272962	-0,004944394973	UP	UNCHANGED
Q9ZQX9	40S ribosomal protein S27	2,817734766	0,6917310762	UP	UNCHANGED

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A1D6LZ57	USP family protein	1,902051183	0,1566841284	UP	UNCHANGED
B4FHT1	Annexin	2,315273268	1,453726881	UP	UNCHANGED
A0A1D6FNK4	60S ribosomal protein L11-1	0,9544386823	0,1309381209	UP	UNCHANGED
B4FUS2	Ribosomal protein S18	3,49829942	-0,1463213026	UP	UNCHANGED
A0A804QYV6	60S ribosomal protein L13	1,881165117	-0,1482045781	UP	UNCHANGED
A0A1D6PUK8	Aconitate hydratase	0,7513712503	-0,2492794877	UP	UNCHANGED
A0A804LVD2	40S ribosomal protein S25	4,150956827	0,7099346011	UP	UNCHANGED
A0A1D6JW41	40S ribosomal protein S20-1	2,775335387	1,164352923	UP	UNCHANGED
O22424	Small ribosomal subunit protein eS4	2,769846011	0,03313110526	UP	UNCHANGED
A0A804LFM1	Small ribosomal subunit protein eS1	2,655008507	0,1558278704	UP	UNCHANGED
B4FF24	UDP-glucuronate decarboxylase	2,233074391	0,8054950622	UP	UNCHANGED
P46420	Glutathione S-transferase 4	0,6202011503	0,01049229251	UP	UNCHANGED
A0A804R0N6	Proteasome subunit alpha type	1,808267479	1,727191295	UP	UNCHANGED
C0PK05	Lactoylglutathione lyase	2,067069742	0,9871224668	UP	UNCHANGED
Q9SP22	Calreticulin	4,06421272	0,3491035551	UP	UNCHANGED
A0A1D6E5Z5	Adenosine kinase	1,786682194	-0,5150316383	UP	UNCHANGED
C0PK59	60S ribosomal protein L11	0,9030557413	0,01128010978	UP	UNCHANGED

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
B1P123	TRIBOA-glucoside O-methyltransferase BX7	1,31432117	-0,5559385344	UP	UNCHANGED
B4FL79	Nascent polypeptide-associated complex subunit alpha-like protein 3	2,354436502	0,4448622199	UP	UNCHANGED
A0A804NNG7	Small ribosomal subunit protein uS15 N-terminal domain-containing protein	3,61068925	-0,03741372126	UP	UNCHANGED
B4FAG0	UDP-glucuronate decarboxylase	3,424443975	0,9545960632	UP	UNCHANGED
A0A1D6LPF3	40S ribosomal protein S14	1,741109352	0,1847481897	UP	UNCHANGED
P25460	Small ribosomal subunit protein uS17	4,063255141	0,7747821173	UP	UNCHANGED
A0A804PEW7	RNA helicase	1,342919242	0,03595765847	UP	UNCHANGED
B6TNR8	40S ribosomal protein S2	2,546235055	0,2514262379	UP	UNCHANGED
B4FBK8	acetyl-CoA C-acyltransferase	1,511937286	0,3341649821	UP	UNCHANGED
B6TAJ3	Proteasome subunit alpha type	1,394417721	0,2080074855	UP	UNCHANGED
B4F8D2	60S ribosomal protein L4-1	3,268657519	0,1011703347	UP	UNCHANGED
A0A804R0P7	Small ribosomal subunit protein uS10 domain-containing protein	1,970679932	1,383958551	UP	UNCHANGED
A0A804NSR2	60S ribosomal protein L6	3,179979482	0,1509814978	UP	UNCHANGED

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A804UHX0	RRM domain-containing protein	2,543360016	1,431301702	UP	UNCHANGED
C0PBY7	Nucleoside diphosphate kinase	3,558068301	1,469572818	UP	UNCHANGED
A0A1D6NYF1	Restorer of fertility2	0,7911317917	0,08157352565	UP	UNCHANGED
K7UGM3	Catalase	2,027288528	-0,3409131745	UP	UNCHANGED
A0A1D6GRB4	alanine transaminase	1,720806577	0,4773042433	UP	UNCHANGED
A0A804N6A5	3-deoxy-8-phosphooctulonate synthase	1,656942189	0,5758079102	UP	UNCHANGED
A5H454	Peroxidase 66	2,009694033	1,250860909	UP	UNCHANGED
B6TDF8	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	1,445085272	-0,1752954444	UP	UNCHANGED
A0A804PXM9	Large ribosomal subunit protein uL15/eL18 domain-containing protein	2,325854271	-0,4589269237	UP	UNCHANGED
B6TB97	30S ribosomal protein S3_ chloroplastic	1,386373429	0,6761969176	UP	UNCHANGED
B4F9R4	60S ribosomal protein L2	2,529882924	0,04961447451	UP	UNCHANGED
A0A1D6N1Z8	6-phosphogluconate dehydrogenase_ decarboxylating	0,6933691188	0,2322188111	UP	UNCHANGED
Q43863	Annexin	2,929536711	1,666051173	UP	UNCHANGED
B6T7B2	30S ribosomal protein S4_ chloroplastic	3,235307416	-0,2638571572	UP	UNCHANGED

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
B4FAD4	Isocitrate dehydrogenase [NAD] catalytic subunit 5 mitochondrial	1,232181269	-0,1125339354	UP	UNCHANGED
B6SHM7	40S ribosomal protein S7	2,53983879	-0,2212648092	UP	UNCHANGED
D7NLB3	Peroxidase	3,983904244	1,942036542	UP	UNCHANGED
A0A1D6L3U6	Aluminum induced protein with YGL and LRDR motifs	0,8742899929	-0,004842715182	UP	UNCHANGED
A0A1D6PJL0	Aconitate hydratase	0,8025633997	-0,4160708689	UP	UNCHANGED
A0A804R1N6	NAD-dependent epimerase/dehydratase domain-containing protein	1,570514074	0,09414988323	UP	UNCHANGED
B4FBH0	Peroxidase	3,288195487	1,288530574	UP	UNCHANGED
A0A804PTJ9	Cupin type-1 domain-containing protein	1,2053478	0,1485975821	UP	UNCHANGED
B4F7U0	Proteasome subunit alpha type	2,158035401	0,9740512844	UP	UNCHANGED
C0HFM4	60S ribosomal protein L13a-1	1,024805037	-0,29744538	UP	UNCHANGED
A0A1D6MUQ1	Beta-glucosidase 17	1,416854221	0,5201799329	UP	UNCHANGED
B4FQ61	Small ribosomal subunit protein uS8c	2,756455361	1,091568441	UP	UNCHANGED
A0A1D6I644	Glucose-6-phosphate isomerase	1,108867168	-0,08315101443	UP	UNCHANGED
B4FFV3	Malate dehydrogenase	1,963508554	0,7187768284	UP	UNCHANGED
C0HHA6	Peroxidase	2,264871961	0,7680512783	UP	UNCHANGED

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A804P036	14-3-3 domain-containing protein	1,418294422	-0,1901702254	UP	UNCHANGED
A0A1D6MA73	Pistil-specific extensin-like protein	1,601243722	1,559623832	UP	UNCHANGED
A0A1D6LIK1	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	4,170362241	1,338869585	UP	UNCHANGED
A0A804NMP5	fructose-bisphosphate aldolase	2,093808959	0,516225898	UP	UNCHANGED
B4FRZ2	pyridoxal 5'-phosphate synthase (glutamine hydrolyzing)	1,00295315	0,2646913404	UP	UNCHANGED
B4F9K0	Late embryogenesis abundant protein group 2	1,153525774	0,008041153937	UP	UNCHANGED
Q5EUD7	protein disulfide-isomerase	1,871134516	0,7011704348	UP	UNCHANGED
A0A1D6E7V9	Malate synthase	4,164680921	0,47172909	UP	UNCHANGED
A0A804R8X8	26S proteasome regulatory subunit RPN10	0,930278172	0,005652593838	UP	UNCHANGED
P49081	Malate synthase_glyoxysomal	2,163706709	0,542022275	UP	UNCHANGED
A0A804NQX3	Aldehyde dehydrogenase domain-containing protein	0,9660447174	-0,1860250145	UP	UNCHANGED
A0A1D6MPN8	Importin subunit alpha	1,758628686	0,2910651331	UP	UNCHANGED
A0A804PZZ8	Patellin-5	0,9570766517	0,2711172148	UP	UNCHANGED
A0A804PH25	phosphoenolpyruvate carboxylase	1,526253808	-0,126804809	UP	UNCHANGED

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A804UD50	spermidine synthase	0,867641877	-0,05986088174	UP	UNCHANGED
B6SJ08	60S ribosomal protein L18	2,598490377	-0,4901655268	UP	UNCHANGED
B6SIU4	Peroxidase	2,168125903	2,175312649	UP	UNCHANGED
A0A804LY71	Alpha-galactosidase	1,522356407	0,7813229375	UP	UNCHANGED
A0A804P4P3	CSD domain-containing protein	0,7835264331	0,5357967555	UP	UNCHANGED
A0A804LD07	Catalase	2,078548116	0,5671713686	UP	UNCHANGED
A0A804PZF3	protein disulfide-isomerase	2,313576149	0,7258543015	UP	UNCHANGED
B6SZS2	30S ribosomal protein S4_chloroplastic	2,337191577	-0,01338496376	UP	UNCHANGED
P52588	Protein disulfide-isomerase	2,276183023	0,3807604999	UP	UNCHANGED
A0A804P9X2	TRASH domain-containing protein	2,24575689	0,3286603161	UP	UNCHANGED
A0A1D6IJP9	alanine transaminase	0,8870954378	-0,3490887462	UP	UNCHANGED
P55005	Beta-amylase	0,772452455	-0,000179536447	UP	UNCHANGED
A0A804LUR9	alpha-amylase	2,281625122	1,086132271	UP	UNCHANGED
A0A1D6G9Q0	Proteasome subunit alpha type	0,6264335817	0,1380817516	UP	UNCHANGED
C0PI43	Soluble epoxide hydrolase	1,696372176	0,07234260346	UP	UNCHANGED
B6TL20	glutathione transferase	2,566219407	0,6148838495	UP	UNCHANGED
A0A804MW25	Fe2OG dioxygenase domain-containing protein	4,004523884	-0,3067743874	UP	UNCHANGED
A0A804N4G2	Malate dehydrogenase	1,516810485	-0,09530457462	UP	UNCHANGED

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A1D6H6F1	Citrate synthase	0,5948898616	-0,1627127817	UP	UNCHANGED
K7UDG5	proline--tRNA ligase	1,784651179	0,4832511771	UP	UNCHANGED
A0A804RF93	dihydrolipoyllysine-residue succinyltransferase	1,295780367	0,417746566	UP	UNCHANGED
A0A804QHI6	MPN domain-containing protein	0,8478981902	1,02863815	UP	UNCHANGED
A0A804PV74	NADP-dependent oxidoreductase domain-containing protein	0,6767211411	-0,1315334589	UP	UNCHANGED
B4F8Q2	Heat shock 70 kDa protein_mitochondrial	0,9386568235	0,5428600786	UP	UNCHANGED
B4FFM6	Tropinone reductase-like protein	1,355734047	-0,842938831	UP	UNCHANGED
A0A804PD24	GDSL esterase/lipase	1,287556423	0,7922003678	UP	UNCHANGED
C0HJ53	3-hydroxyacyl-[acyl-carrier-protein] dehydratase	1,079344603	0,4911457165	UP	UNCHANGED
K7UGU4	Putative WD40-like beta propeller repeat family protein	2,654077508	-0,1884995059	UP	UNCHANGED
A0A1D6FEX5	RNA helicase	1,012935215	0,1581122528	UP	UNCHANGED
B5AMJ8	Alpha-1_4 glucan phosphorylase	1,293390298	0,7032149604	UP	UNCHANGED
B4FAK8	Calnexin homolog2	3,026071214	0,3803710879	UP	UNCHANGED
B6TNF1	Calnexin	0,6448536003	0,4051824497	UP	UNCHANGED

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A804P6Y3	Low-specificity L-threonine aldolase 1	1,372687737	-0,5114312465	UP	UNCHANGED
C0P7E7	Actin-interacting protein 1-2	0,8041722112	0,4984185003	UP	UNCHANGED
B4FBF2	Carboxypeptidase	0,9779315639	-0,1934097648	UP	UNCHANGED
A0A096SXM7	beta-glucosidase	1,215107096	0,5857841638	UP	UNCHANGED
A0A804M3Y4	beta-glucosidase	1,452391233	0,5264061309	UP	UNCHANGED
B4FBJ7	26S protease regulatory subunit 6A homolog A	1,224721685	0,4734368761	UP	UNCHANGED
Q94F78	Nucleosome/chromatin assembly factor A	0,857184201	0,5104398813	UP	UNCHANGED
A0A1D6MB69	Putative aldehyde dehydrogenase MIS1	1,107841383	0,09919473624	UP	UNCHANGED
A3FMB9	Proteasome subunit alpha type	1,658806472	0,5769887475	UP	UNCHANGED
B6SRE7	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	2,074504346	1,103470484	UP	UNCHANGED
A0A804NSK1	NAP1-related protein 2	1,287690393	0,5377203106	UP	UNCHANGED
B6T2Y5	S-formylglutathione hydrolase	1,58598355	0,6101050332	UP	UNCHANGED
B4FMF7	Aldose 1-epimerase	1,127016161	-0,1502689577	UP	UNCHANGED
A1XC11	Lipoxygenase	1,346915885	-0,2370189302	UP	UNCHANGED
A0A1D6E225	proline--tRNA ligase	1,731814162	1,027687036	UP	UNCHANGED
B4FR89	Phosphomannomutase	0,650347952	0,5510140769	UP	UNCHANGED
A0A1D6J2J3	Beta-glucosidase 17	0,8963295602	-0,5872391229	UP	UNCHANGED

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
B4FPA0	Alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	1,619733105	0,6304945476	UP	UNCHANGED
C0PMQ1	Lactoylglutathione lyase	1,859763988	1,271052088	UP	UNCHANGED
C0P6C5	threonine synthase	1,066121137	-0,06426378091	UP	UNCHANGED
B4FSM5	Glutaredoxin-dependent peroxiredoxin	2,590510075	0,7230259248	UP	UNCHANGED
A0A1D6NLC5	Aspartyl protease family protein 2	1,854254721	1,214233042	UP	UNCHANGED
A0A804MUL1	Protein disulfide-isomerase	1,730794327	0,4889192642	UP	UNCHANGED
B6TLM5	Glutathione S-transferase	1,052903129	-0,0814343473	UP	UNCHANGED
C4JBB8	Heat shock 70 kDa protein 9 mitochondrial	0,6418383493	0,2458990806	UP	UNCHANGED
K7UVD7	Ribonuclease	0,6570370771	0,6245866938	UP	UNCHANGED
Q9SPD7	Outer mitochondrial membrane protein porin	1,349124512	0,5686062876	UP	UNCHANGED
B7ZX71	aspartate--tRNA ligase	0,8948142401	0,3470584607	UP	UNCHANGED
B4FRJ7	Fumarylacetoacetate (FAA) hydrolase family	1,301290013	0,1042907336	UP	UNCHANGED
A0A096R6Z8	Heat shock 70 kDa protein 6 chloroplastic	0,977586997	-0,2985965411	UP	UNCHANGED
A0A804NDU0	ATP-dependent 6-phosphofructokinase	0,7926978135	0,3187024647	UP	UNCHANGED
A0A1D6K4Z5	Putative acetyl-CoA acetyltransferase cytosolic 2	1,169398416	0,2480385924	UP	UNCHANGED

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A804NW83	rRNA 2'-O-methyltransferase fibrillar	1,721974265	0,6305861488	UP	UNCHANGED
B4FLA1	indole-3-glycerol-phosphate synthase	1,28825206	0,3930454988	UP	UNCHANGED
B4FZU9	dihydropyrimidine dehydrogenase (NADP(+))	0,6770639476	0,5613036072	UP	UNCHANGED
C4J3S6	2-isopropylmalate synthase	0,9017766141	0,2183206244	UP	UNCHANGED
A0A804RDR1	Dihydrolipoamide acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex	0,8927553263	0,2672388932	UP	UNCHANGED
B4FUZ2	Dihydrolipoamide acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex	1,040489422	0,4518931396	UP	UNCHANGED
B4FVD5	V-type proton ATPase subunit E3	1,367411851	0,4557130388	UP	UNCHANGED
B4FQZ2	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 3 homolog A	0,9494523859	0,2915792314	UP	UNCHANGED
B6TV55	Stem 28 kDa glycoprotein	2,381870635	0,3699652098	UP	UNCHANGED
A0A1D6KPB2	Dihydrolipoamide acetyltransferase	0,8880941324	0,2444557274	UP	UNCHANGED

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
	component of pyruvate dehydrogenase complex				
B4FPB7	60S ribosomal protein L7a	2,482621798	-0,1981483942	UP	UNCHANGED
A0A804P3L6	Citrate synthase	2,455256989	-0,06515945949	UP	UNCHANGED
A0A1D6JJP0	GroES-like zinc-binding alcohol dehydrogenase family protein	0,9895258659	0,3007965279	UP	UNCHANGED
A0A804NY07	Dehydrogenase E1 component domain-containing protein	2,15132596	0,5619371289	UP	UNCHANGED
B4F848	Chaperonin	2,773923673	1,209743988	UP	UNCHANGED
A0A1D6E4T8	Putative beta-D-xylosidase 6	0,6753783192	0,02203667419	UP	UNCHANGED
A0A1D6F4V9	26S proteasome regulatory subunit 4 homolog A	0,7716824569	0,4208023657	UP	UNCHANGED
C4IZ94	ornithine carbamoyltransferase	1,144690419	0,461921868	UP	UNCHANGED
A0A804PJJ7	Isopropylmalate dehydrogenase-like domain-containing protein	0,8975004305	0,06378598398	UP	UNCHANGED
P51059	Phosphoenolpyruvate carboxylase 2	1,88934228	0,2068468082	UP	UNCHANGED
Q7FWR0	Aldehyde dehydrogenase2	1,171152247	0,3418404024	UP	UNCHANGED
A0A1D6EWX3	Aconitate hydratase	2,428807866	0,5325483893	UP	UNCHANGED

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
B6TQ06	Aminomethyltransferase	0,9391166107	0,2054840257	UP	UNCHANGED
B6TEV7	Thioredoxin	0,9109197095	0,4051782604	UP	UNCHANGED
A0A1D6F5U0	Alpha-mannosidase	1,899339847	0,1453338984	UP	UNCHANGED
B6U7Y1	Activator of 90 kDa heat shock protein ATPase	1,691979523	0,7662180426	UP	UNCHANGED
A0A804UH55	RRM domain-containing protein	1,150774232	0,7955187307	UP	UNCHANGED
C0PFN4	glucose-6-phosphate 1-epimerase	1,00920822	1,221007548	UP	UNCHANGED
A0A804U9Z6	Glutamate--cysteine ligase	1,279588486	-0,3588471013	UP	UNCHANGED
A0A1D6GVM3	Delta-aminolevulinic acid dehydratase	1,177126135	-0,311450299	UP	UNCHANGED
B8A2X5	Pectinesterase	1,200309234	0,6659562916	UP	UNCHANGED
C0P8I4	2-isopropylmalate synthase	0,7127990238	-0,0229772879	UP	UNCHANGED
Q71RX2	isopentenyl-diphosphate Delta-isomerase	1,206680633	0,1304987135	UP	UNCHANGED
A0A1D6NM06	50S ribosomal protein L34	0,7802168976	0,3533591298	UP	UNCHANGED
Q9SWR9	Acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex	1,486907553	1,149402213	UP	UNCHANGED
B4G038	Homoserine dehydrogenase	0,7960138691	-0,5175154554	UP	UNCHANGED
A0A804NJ56	Diaminopimelate decarboxylase	1,049195844	0,1992854335	UP	UNCHANGED

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A804PHQ6	Xaa-Pro dipeptidase	1,035449539	-0,1001709339	UP	UNCHANGED
A0A1D6MXL4	UDP-D-apiose/UDP-D-xylose synthase 2	1,082543087	0,24597624	UP	UNCHANGED
A0A804PDC5	protein disulfide-isomerase	0,6532603953	0,1170618918	UP	UNCHANGED
K7TFH9	Prolyl endopeptidase	0,6934924498	0,07270741634	UP	UNCHANGED
B6SVI7	Nascent polypeptide-associated complex subunit beta	4,257332198	-	UP	-
A0A804Q177	Peptidase M24 domain-containing protein	1,985532578	-	UP	-
B4FRM9	Expansin-B4	1,605999519	-	UP	-
B6TUI0	Estradiol 17-beta-dehydrogenase 8	1,548539346	-	UP	-
B4G039	UDP-arabinopyranose mutase	-	1,573661716	ÚNICA_ESTRESSE	UP
A0A804ML65	prolyl aminopeptidase adenine	-	1,236363867	ÚNICA_ESTRESSE	UP
A0A804LR89	phosphoribosyltransferase	-	2,106746332	ÚNICA_ESTRESSE	UP
A0A804QU15	NADP-dependent oxidoreductase domain-containing protein	-	1,100283463	ÚNICA_ESTRESSE	UP
A0A1D6GMN4	Heat shock 70 kDa protein	-	0,8672111896	ÚNICA_ESTRESSE	UP
A0A1D6KL56	Glutamate decarboxylase	-	1,975716576	ÚNICA_ESTRESSE	UP

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A804LR56	Serine hydroxymethyltransferase	-	0,7812932705	ÚNICA_ESTRESSE	UP
A0A1D6F1Q8	alanine transaminase	-	0,6748076923	ÚNICA_ESTRESSE	UP
A0A804NUN3	Metal-dependent protein hydrolase	-	0,7328798693	ÚNICA_ESTRESSE	UP
C0P7J5	Acyl-coenzyme A oxidase	-	0,858716318	ÚNICA_ESTRESSE	UP
A0A804Q128	UDP-glucuronate decarboxylase	-	-	ÚNICA_ESTRESSE	ÚNICA_ESTRESSE
A0A804P6X5	S5 DRBM domain-containing protein	-	-	ÚNICA_ESTRESSE	ÚNICA_ESTRESSE
A0A804P0A0	Uncharacterized protein	-	-	ÚNICA_ESTRESSE	ÚNICA_ESTRESSE
A0A0B4J3B1	Ras-related protein RABD1	-	-	ÚNICA_ESTRESSE	ÚNICA_ESTRESSE
E9JVD4	Aldose reductase	-	-	ÚNICA_ESTRESSE	ÚNICA_ESTRESSE
B4FNW5	DUF642 domain-containing protein	-	-	ÚNICA_ESTRESSE	ÚNICA_ESTRESSE
B4FAR8	Proteasome subunit alpha type	-	-1,934191628	ÚNICA_ESTRESSE	DOWN
A0A1D6E5Y8	Phenylalanine ammonia-lyase	-	-	ÚNICA_ESTRESSE	ÚNICA_CONTROLE
A0A804MDZ4	Tubulin/FtsZ GTPase domain-containing protein	-	-	ÚNICA_ESTRESSE	ÚNICA_CONTROLE
A0A804NX50	60S ribosomal protein L35a-3	-	1,782160724	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
A0A804Q2W1	14-3-3 domain-containing protein	-	-0,1678371344	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A804P0C1	Histidine kinase/HSP90-like ATPase domain-containing protein	-	-	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
C4J986	60S ribosomal protein L30-2	-	1,581265171	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
O24573	Large ribosomal subunit protein uL10	-	0,05675744261	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
A0A804LDT8	Cell division cycle protein 48	-	-0,5782953035	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
B6SJ21	Guanine nucleotide-binding protein beta subunit-like protein	-	0,0625492166	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
A0A804LUD0	14-3-3 domain-containing protein	-	-0,2734059032	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
A0A804PVN6	Tr-type G domain-containing protein	-	-0,08645386444	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
B4F9G0	60S ribosomal protein L4-1	-	-0,2711141778	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
A0A804PMF6	Uncharacterized protein	-	-0,6414129359	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
A0A1D6KIE7	60S ribosomal protein L12-3	-	-	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
A0A804QCX5	Elongation factor 1-alpha	-	-	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
A0A1D6MEM8	Nucleoside diphosphate kinase	-	1,30585001	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
A0A804P6R5	Methylenetetrahydrofolate reductase	-	-0,007568086604	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A804LJP0	phosphoglycerate mutase (2_3-diphosphoglycerate-independent)	-	0,227550208	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
A0A804QNU1	Heat shock 70 kDa protein 14	-	-	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
B4FGB1	Proliferating cell nuclear antigen	-	-	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
A0A804QRD3	Large ribosomal subunit protein eL20 domain-containing protein	-	-0,7477163481	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
A0A804N0N0	40S ribosomal protein S8	-	0,04542929755	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
A0A804QPC7	Importin subunit alpha	-	0,3161968588	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
B4FFZ9	Oil body-associated protein 1A	-	1,172255744	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
A0A1D6M438	pyruvate_ phosphate dikinase	-	-0,8499156215	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
A0A1D6MXJ8	Jasmonate-induced protein	-	2,479606828	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
B6SLK4	Elongation factor 1-beta	-	0,5661326381	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
B4G031	L-ascorbate peroxidase	-	0,09370556331	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
A0A1D6GWE1	Shepherd-like1	-	0,1997044869	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
A0A804UDX7	peptidylprolyl isomerase	-	0,9660794275	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
B6THM9	60S ribosomal protein L22-2	-	0,4065443256	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
K7W288	KDEL-tailed cysteine endopeptidase CEP1	-	-	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
E1AFV5	Beta-1_3-glucanase	-	3,54045259	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
C4J748	DNA binding activity3	-	0,4563206325	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
A0A804MH53	dihydrolipoyllysine-residue succinyltransferase	-	-	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
K7VZN8	Large ribosomal subunit protein eL22	-	0,7662556971	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
C0PHL8	Co-chaperone protein p23	-	0,06223567033	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
B4FL28	Isovaleryl-CoA dehydrogenase_mitochondrial	-	-0,7286559015	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
A0A804NR99	Thioredoxin domain-containing protein	-	-	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
B4F9M9	Isocitrate dehydrogenase [NADP]	-	0,3109618251	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
B6TV07	Glutamate decarboxylase	-	1,294845398	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
B6THH7	Isoamyl acetate-hydrolyzing esterase	-	-0,1497854851	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
C4J5B2	Oxysterol-binding protein-related protein 3B	-	-0,09950399613	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
A0A804MYA4	Large ribosomal subunit protein uL5 C-terminal domain-containing protein	-	0,09656791217	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
A0A804QEY3	Peptidase C1A papain C-terminal domain-containing protein	-	0,8826176368	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
K7WBY4	Abscisic acid receptor PYR1	-	-0,0363301353	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
A0A1D6E501	3-isopropylmalate dehydrogenase	-	0,06319181085	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
A0A804P2M2	PABS domain-containing protein	-	0,2895314683	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
B4FM15	Large ribosomal subunit protein eL28	-	0,8779677905	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
A0A804MZX1	Uncharacterized protein	-	0,06485077158	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
B4FQS9	Trans-cinnamate 4- monooxygenase	-	-1,408711124	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
A0A804R8A2	Ubiquitin-like protease family profile domain- containing protein	-	0,08675703977	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
B6SK46	Cupin family protein	-	1,675407276	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
C0PFX0	Glucose-6-phosphate 1- dehydrogenase	-	-0,4119624938	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
A0A804R3B8	Nucleosome assembly protein 1	-	0,3898535745	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
C0PJRO	Aldose 1-epimerase	-	0,5349521808	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
B4G1Q4	Lecithin-cholesterol acyltransferase-like 1	-	-0,4020501911	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
A0A804RNP8	ATP-grasp domain- containing protein	-	-0,1014527083	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
A0A1D6MMW2	Pectin acetyltransferase	-	0,2924026382	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
B4FCY9	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 8	-	0,3956284769	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
A0A1D6LLS4	oxoglutarate dehydrogenase (succinyl-transferring)	-	-0,09407521616	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
A0A804MY67	phosphoribosylaminoimidazole carboxylase	-	0,07202551836	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
A0A804MJL8	Peptidase A1 domain-containing protein	-	0,7351870069	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
A0A804NLI1	6-phosphogluconate dehydrogenase_ decarboxylating	-	-0,3736411668	ÚNICA_ESTRESSE	UNCHANGED
B4G231	Alpha-amylase	-	-	ÚNICA_ESTRESSE	-
A0A1D6N932	Osmotin-like protein OSM34	-	-	ÚNICA_ESTRESSE	-
A0A804MZ73	cytochrome-b5 reductase	-	-	ÚNICA_ESTRESSE	-
A0A804UEH9	Isocitrate lyase	-	-	ÚNICA_ESTRESSE	-
B4FUK2	peptidylprolyl isomerase	-	-	ÚNICA_ESTRESSE	-
A0A804Q8U7	alpha-amylase	-	-	ÚNICA_ESTRESSE	-
A0A804QS57	Dirigent protein	-	-	ÚNICA_ESTRESSE	-
A0A804LNA1	Expansin-B4	-	-	ÚNICA_ESTRESSE	-
B4FSL7	Beta-expansin 1a	-	-	ÚNICA_ESTRESSE	-
B4FN43	Haloacid dehalogenase-like hydrolase domain-containing protein Sgpp	-	-	ÚNICA_ESTRESSE	-

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
B4FHK5	NPL4 family protein	-	-	ÚNICA_ESTRESSE	-
B6SWK9	Auxin-induced beta-glucosidase	-	-	ÚNICA_ESTRESSE	-
A0A804QX06	tRNA-binding domain-containing protein	-	-	ÚNICA_ESTRESSE	-
A0A804QMV1	ATP synthase subunit beta	-1,420944353	1,647940269	DOWN	UP
C0PL14	Phenylalanine ammonia-lyase	-0,8624922253	1,767067367	DOWN	UP
A0A804M9C0	Insect resistance3	-1,126065965	0,9545779421	DOWN	UP
A0A804LS47	5-methyltetrahydropteroyltri glutamate--homocysteine S-methyltransferase	-1,453744644	-2,446293416	DOWN	DOWN
A0A1D6N6H1	Actin-7	-1,259965381	-0,9015144198	DOWN	DOWN
B4FR61	Glutamine synthetase	-0,773428144	-1,01846541	DOWN	DOWN
A0A804NE51	Malic enzyme	-0,7398908367	-1,300252964	DOWN	DOWN
B6T4R2	NAD(P)H dehydrogenase (quinone)	-1,843703887	-3,528461897	DOWN	DOWN
C0PJR9	Putative alcohol dehydrogenase superfamily protein	-1,71517988	-1,703281831	DOWN	DOWN
C0P4M0	monodehydroascorbate reductase (NADH)	-1,076289852	-0,5984370475	DOWN	DOWN
C0P5C0	Importin subunit alpha	-1,012736233	-0,60070229	DOWN	DOWN

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
K7TX67	Plasma membrane ATPase	-2,177241662	-0,9396922967	DOWN	DOWN
A0A804RCH3	Glycine cleavage system P protein	-0,7102092327	-0,8426807689	DOWN	DOWN
B4FTJ0	Triosephosphate isomerase	-0,6829892038	-0,7395493509	DOWN	DOWN
B4FIT7	3-hydroxyisobutyryl-CoA hydrolase	-1,286258352	-1,540945337	DOWN	DOWN
B4G195	Glutamate-oxaloacetate transaminase5	-0,8160471928	-0,9628264416	DOWN	DOWN
B4FQP4	4-coumarate--CoA ligase	-0,8970843477	-0,8565714447	DOWN	DOWN
B4G1T3	chitinase	-1,088223766	-1,536024164	DOWN	DOWN
A0A804LZ57	Short-chain type dehydrogenase/reductase	-2,507689313	-2,991021757	DOWN	DOWN
C0P7X2	Aldehyde dehydrogenase	-1,448317344	-1,010192475	DOWN	DOWN
A0A804MJT4	Alkaline/neutral invertase	-2,283871704	-1,077822239	DOWN	DOWN
A0A804P187	Aldehyde dehydrogenase	-1,270618681	-0,6780104701	DOWN	DOWN
B4FPC4	Oxysterol-binding protein-related protein 3B	-0,8856075258	-1,226323073	DOWN	DOWN
Q8W519	Methionine S-methyltransferase	-1,192042763	-0,9067548912	DOWN	DOWN
A0A1D6EU26	3-dehydroquininate synthase	-0,6870040635	-1,095053563	DOWN	DOWN
B4FWI4	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	-0,7021189202	-0,8484580618	DOWN	DOWN

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
B6TN48	3-hydroxyisobutyryl-CoA hydrolase	-1,818911101	-0,9281663353	DOWN	DOWN
A0A804RF32	Sugar phosphate transporter domain-containing protein	-1,571484172	-0,8404345598	DOWN	DOWN
A0A804N3I2	shikimate dehydrogenase (NADP(+))	-1,021058753	-0,9990853619	DOWN	DOWN
A0A1D6I3K9	glucan endo-1_3-beta-D-glucosidase	-0,917286891	-0,8584975818	DOWN	DOWN
C4JA40	phosphoribosylformylglycinamide cyclo-ligase	-0,9791799231	-0,6091338817	DOWN	DOWN
A0A1D6NPN4	Clathrin heavy chain	-0,8509683945	-	DOWN	ÚNICA_CONTROLE
Q41785	Tubulin beta-8 chain	-0,7841908657	0,4825797678	DOWN	UNCHANGED
A0A804LBY5	Tubulin beta chain	-0,7418519927	0,806788378	DOWN	UNCHANGED
B4F989	Actin-7	-0,7040665015	-0,3104495138	DOWN	UNCHANGED
P12653	Glutathione S-transferase 1	-1,130092675	-0,156273663	DOWN	UNCHANGED
B6SRI4	14-3-3-like protein	-0,6272944103	0,3586789043	DOWN	UNCHANGED
C0PHR4	Adenosylhomocysteinase	-0,6344511426	-0,1126576768	DOWN	UNCHANGED
B4FL64	Ribosomal protein L19	-1,040612125	0,1006542033	DOWN	UNCHANGED
Q06509	Caffeic acid 3-O-methyltransferase	-1,154806162	-0,2856829954	DOWN	UNCHANGED
A0A1D6IQ41	Clathrin heavy chain	-2,345277053	0,9587310358	DOWN	UNCHANGED
B4FFK3	ADP-ribosylation factor	-0,7920181017	-0,1423707984	DOWN	UNCHANGED
C3UZ63	HSP protein	-0,7840338748	-0,3406055928	DOWN	UNCHANGED

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A804M1R0	5-methyltetrahydropteroyltri glutamate--homocysteine S-methyltransferase	-1,921502286	-0,5798504338	DOWN	UNCHANGED
A0A1D6ES19	Heat shock protein 90-2	-1,021633214	-0,1800098328	DOWN	UNCHANGED
P05494	ATP synthase subunit alpha_ mitochondrial	-0,7072333432	0,02156437621	DOWN	UNCHANGED
O50018	Elongation factor 1-alpha	-1,035466	0,1304501623	DOWN	UNCHANGED
A0A1D6HDL5	Phenylalanine ammonia- lyase	-1,090983589	0,07378842991	DOWN	UNCHANGED
B4FRJ1	Malate dehydrogenase	-2,186753764	0,5304265442	DOWN	UNCHANGED
A0A804R4K2	Vacuolar proton pump subunit B	-0,823203876	-0,1152282372	DOWN	UNCHANGED
P49087	V-type proton ATPase catalytic subunit A (Fragment)	-1,303630364	-0,09852635408	DOWN	UNCHANGED
P12857	ADP_ATP carrier protein 2_ mitochondrial	-0,9359600741	0,03059612114	DOWN	UNCHANGED
A0A1D6LNL6	RNA helicase	-1,052268497	0,07603712306	DOWN	UNCHANGED
B4FBM9	60S ribosomal protein L3- 1	-1,007194852	-0,02564901896	DOWN	UNCHANGED
Q9ATM6	Aquaporin PIP2-4	-1,980853894	-0,4126218492	DOWN	UNCHANGED
B4FSA7	ADP/ATP translocase	-1,350090744	-0,3797397828	DOWN	UNCHANGED
K7VNE0	phosphoenolpyruvate carboxykinase (ATP)	-0,9920521424	-1,679267354	DOWN	UNCHANGED

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
Q43260	Glutamate dehydrogenase	-0,638282198	-0,3473185436	DOWN	UNCHANGED
Q9ATM8	Aquaporin PIP2-2	-1,440304016	-0,1169913381	DOWN	UNCHANGED
Q43266	Proliferating cell nuclear antigen	-1,949180004	-0,6174085491	DOWN	UNCHANGED
C0P4Q3	Heat shock protein 90 kDa	-0,8626575381	0,1330559818	DOWN	UNCHANGED
A0A804U9A8	Mitochondrial phosphate carrier protein 3_mitochondrial	-1,690577368	-0,3811288754	DOWN	UNCHANGED
K7VX77	Phosphotransferase	-1,832039495	-0,2567243358	DOWN	UNCHANGED
B4FSZ7	Putative mitochondrial-processing peptidase subunit alpha-2 chloroplastic/mitochondria	-1,039994197	-0,3299801738	DOWN	UNCHANGED
B4FRS1	Ras-related protein RABH1b	-0,6221727289	0,4285374977	DOWN	UNCHANGED
B4FCR7	inorganic diphosphatase	-0,9492775304	0,03931045918	DOWN	UNCHANGED
A0A804M7G3	Elongation factor Tu	-2,832946114	-0,03255861905	DOWN	UNCHANGED
A0A1D6HV45	Coatomer subunit gamma	-1,188188934	0,674828832	DOWN	UNCHANGED
A0A804P437	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	-0,6929207574	0,01028957261	DOWN	UNCHANGED
O24562	Probable cinnamyl alcohol dehydrogenase	-0,9517985745	0,06969379423	DOWN	UNCHANGED

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
K7UGR2	Putative TCP-1/cpn60 chaperonin family protein isoform 1	-1,121609921	-0,1661627733	DOWN	UNCHANGED
A0A804MQ93	Triosephosphate isomerase_chloroplastic	-0,8548338089	-0,623040604	DOWN	UNCHANGED
Q6R9J5	ATP synthase protein MI25	-1,668216341	-0,1245112051	DOWN	UNCHANGED
C0HH60	Pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit alpha	-0,6589040032	-0,5154792924	DOWN	UNCHANGED
A0A804MEV0	Ras-related protein RABB1c	-0,7857262561	-0,4057855802	DOWN	UNCHANGED
P09004	ATP synthase protein MI25	-1,683426425	-0,3404606732	DOWN	UNCHANGED
A0A804NIZ3	V-type proton ATPase subunit C	-1,027328723	0,007492882794	DOWN	UNCHANGED
A0A1D6MAK9	Phosphotransferase	-1,078409328	-0,06918866308	DOWN	UNCHANGED
A0A1D6GEY0	Mitochondrial Rho GTPase	-1,337799014	-0,3043099873	DOWN	UNCHANGED
A0A1D6K5D2	protein-disulfide reductase	-0,6570146215	-0,1901276839	DOWN	UNCHANGED
P00412	Cytochrome c oxidase subunit 2	-1,262117599	-0,5067718775	DOWN	UNCHANGED
B6TGG7	3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase	-1,009196022	-0,2960728378	DOWN	UNCHANGED
Q9AR14	Aquaporin PIP1-5	-1,807841026	-0,08620113422	DOWN	UNCHANGED

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
B6T9S6	Retrotransposon protein SINE subclass	-1,151294499	-1,078091919	DOWN	UNCHANGED
A0A804QT53	Isovaleryl-CoA dehydrogenase mitochondrial	-2,240172984	-0,5588004267	DOWN	UNCHANGED
A0A096QRL3	Nana plant2	-2,099261752	0,2780253344	DOWN	UNCHANGED
C0P5E7	Leukotriene A-4 hydrolase-like protein	-0,7046119301	-0,2144580048	DOWN	UNCHANGED
A0A1D6MV33	Plasma membrane ATPase	-1,834525174	0,6178293339	DOWN	UNCHANGED
B4G119	ADP/ATP translocase	-1,143849041	-0,8443032436	DOWN	UNCHANGED
A0A804R1C7	Ribosomal protein L19	-0,8832641171	0,2134385411	DOWN	UNCHANGED
B7ZYR6	Pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit alpha	-0,5998535473	-0,3446001961	DOWN	UNCHANGED
K7V1I3	E1 ubiquitin-activating enzyme	-0,8907814037	-0,3359470672	DOWN	UNCHANGED
K7UB20	E1 ubiquitin-activating enzyme	-1,074954091	-0,6014082533	DOWN	UNCHANGED
A0A804QKD5	Glutathione hydrolase	-0,7127713616	-0,6065832651	DOWN	UNCHANGED
A0A1D6H0T6	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 2 homolog	-1,568262794	-0,03104199118	DOWN	UNCHANGED
A0A804M2T3	Coatomer subunit alpha	-1,325548919	0,1622791299	DOWN	UNCHANGED

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A804PHU4	quinol--cytochrome-c reductase	-0,9474808852	0,1221243213	DOWN	UNCHANGED
B4FRD9	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit F	-1,841252548	0,32709477	DOWN	UNCHANGED
A0A804MEF5	PCI domain-containing protein	-1,104992556	-0,06536921183	DOWN	UNCHANGED
A0A1D6E838	Topoisomerase-like protein	-2,112815418	-0,4279341206	DOWN	UNCHANGED
A0A804QIX8	3-dehydroquinase synthase	-1,045987141	-0,5425195038	DOWN	UNCHANGED
K7TJV6	2-oxoglutarate dehydrogenase_mitochondrial	-0,7785410056	-0,7002725756	DOWN	UNCHANGED
B6T484	Mitogen-activated protein kinase	-0,870721751	-0,2604821117	DOWN	UNCHANGED
B4FVP3	Zealexin A1 synthase	-2,34696157	-0,6275980608	DOWN	UNCHANGED
A0A804LWR6	Aminopeptidase	-0,9689790971	-0,3740548524	DOWN	UNCHANGED
B4G029	HXXXD-type acyl-transferase family protein	-1,229122047	-0,6442710367	DOWN	UNCHANGED
K7TY03	Alanine--tRNA ligase	-0,8560403465	-0,07467189032	DOWN	UNCHANGED
A0A804RE32	Tr-type G domain-containing protein	-0,7757065116	0,02453662175	DOWN	UNCHANGED
B4FEC3	Pyruvate kinase	-0,7805331695	0,1099888821	DOWN	UNCHANGED
A0A1D6KE02	Thaumatococcus-like protein	-1,255432774	-0,1940209022	DOWN	UNCHANGED
B8A1R1	Beta-glucosidase	-0,8106882966	0,3957361656	DOWN	UNCHANGED

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A804RM01	eIF3h C-terminal domain-containing protein	-1,597888936	0,246017151	DOWN	UNCHANGED
A0A1D6IFA0	Peroxisomal isocitrate dehydrogenase [NADP]	-0,5952394774	-0,2851445874	DOWN	UNCHANGED
A0A804P384	Coatomer subunit beta'	-1,832784248	0,1468941196	DOWN	UNCHANGED
A0A804PEG6	Lactate/malate dehydrogenase N-terminal domain-containing protein	-0,9472812769	-0,2007632878	DOWN	UNCHANGED
B4F9D4	Alkaline/neutral invertase	-2,066241511	-0,6940058413	DOWN	UNCHANGED
C4J6R6	V-type proton ATPase subunit	-1,057003563	0,05754127248	DOWN	UNCHANGED
A0A1D6IUT1	ABC transporter F family member 1	-1,688081352	0,6563416934	DOWN	UNCHANGED
A0A1D6L748	Aldehyde oxidase4	-1,022298157	-0,5697772285	DOWN	UNCHANGED
A0A1D6MR42	Coatomer subunit beta	-1,321683561	0,01589776	DOWN	UNCHANGED
A0A1D6N7A4	Acyl-coenzyme A oxidase	-1,053366952	-0,5313315043	DOWN	UNCHANGED
C0P840	Lipoxygenase	-1,594584061	-0,5491083882	DOWN	UNCHANGED
A0A804LI82	Cation-transporting P-type ATPase C-terminal domain-containing protein	-1,4183273	0,2982396585	DOWN	UNCHANGED
A0A804R818	Calcium-dependent phosphotriesterase superfamily protein	-1,828206481	-0,5799378492	DOWN	UNCHANGED
A0A1D6PER2	V-type proton ATPase subunit a	-1,748236667	-0,02032439032	DOWN	UNCHANGED

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A1D6MGB6	Coatomer subunit alpha	-1,5092154	-0,08386885929	DOWN	UNCHANGED
A0A1D6K641	3-oxo-Delta(45)-steroid 5-beta-reductase	-0,811684146	0,232467481	DOWN	UNCHANGED
A0A804Q0C1	arginine--tRNA ligase	-1,149390135	0,02361530027	DOWN	UNCHANGED
A0A804NV52	ATP synthase subunit O ₂ mitochondrial	-1,325455023	0,2260181828	DOWN	UNCHANGED
A0A1D6EIR5	4-coumarate--CoA ligase	-1,273145135	0,136537044	DOWN	UNCHANGED
O23888	Indole-3-acetaldehyde oxidase	-1,313601305	-0,6159921628	DOWN	UNCHANGED
A0A804MXZ4	EF-hand domain-containing protein	-2,201965954	0,01772523689	DOWN	UNCHANGED
A0A804PZI9	Importin N-terminal domain-containing protein	-1,102751976	-0,5391503056	DOWN	UNCHANGED
C6KEM4	Aminoaldehyde dehydrogenase 2	-1,021085005	-0,8597285475	DOWN	UNCHANGED
P93852	Methyltransferase	-1,243415372	-0,09133917105	DOWN	UNCHANGED
A0A1D6KKI7	glycine--tRNA ligase	-1,732589756	0,8645656615	DOWN	UNCHANGED
B8A0F3	Hydroxymethylbutenyl diphosphate synthase1	-0,9915340561	-0,5830196484	DOWN	UNCHANGED
A0A804PF46	4-coumarate--CoA ligase	-	-	ÚNICA_CONTROLE	ÚNICA_ESTRESSE
A0A804P2T6	phosphoenolpyruvate carboxylase	-	-	ÚNICA_CONTROLE	ÚNICA_CONTROLE
B4FRH8	Actin-7	-	-0,2300805252	ÚNICA_CONTROLE	UNCHANGED
A0A804P7L5	Tubulin alpha chain	-	0,2682138807	ÚNICA_CONTROLE	UNCHANGED
A0A1D6FI91	H(+)-exporting diphosphatase	-	-0,4172053616	ÚNICA_CONTROLE	UNCHANGED

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A804NJL3	Uncharacterized protein	-	-	ÚNICA_CONTROLE	UNCHANGED
A0A804M915	Plasma membrane ATPase	-	0,1614610219	ÚNICA_CONTROLE	UNCHANGED
Q8RUU6	pyruvate decarboxylase	-	-	ÚNICA_CONTROLE	UNCHANGED
A0A1D6KXF9	Phenylalanine ammonia-lyase	-	-	ÚNICA_CONTROLE	-
A0A804M304	Actin-7	-	0,6926001037	UNCHANGED	UP
A0A804M300	Actin-7	-0,5274956933	1,164475073	UNCHANGED	UP
O22655	Profilin-4	0,4755799938	0,97892501	UNCHANGED	UP
B4FK49	Nucleoside diphosphate kinase 1	1,68078884	0,9453012642	UNCHANGED	UP
A0A1D6H658	Peroxidase	1,089829865	0,6837786306	UNCHANGED	UP
B4FBC2	GDP-mannose 35-epimerase	0,0880782552	0,6328729292	UNCHANGED	UP
A0A1D6KJT7	Proteasome subunit beta	0,1647652091	0,6989220333	UNCHANGED	UP
C4J3Y5	Glutamate decarboxylase	0,4786334849	0,8382295092	UNCHANGED	UP
B4F840	Putative aldo-keto reductase 4	2,370816143	1,43953532	UNCHANGED	UP
A0A804PK02	glycerophosphodiester phosphodiesterase	0,5211462788	0,6646094812	UNCHANGED	UP
A0A804R221	AAA+ ATPase domain-containing protein	0,3544247425	0,670439691	UNCHANGED	UP
B7ZZM8	argininosuccinate synthase	1,218256003	1,056047421	UNCHANGED	UP
A0A804NAD2	Omega-hydroxypalmitate O-feruloyl transferase	0,1886573482	0,7488289921	UNCHANGED	UP

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
K7U5W7	Wound/stress protein	0,1263729422	1,018328935	UNCHANGED	UP
A0A1D6M1Y6	UDP-glucuronate decarboxylase	1,435915734	0,9966766002	UNCHANGED	UP
B4FD17	Dihydrolipoamide acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex	-0,1962062675	0,7046269777	UNCHANGED	UP
B4FZF7	UDP-N-acetylglucosamine diphosphorylase 2	0,8177670151	1,227543685	UNCHANGED	UP
A0A1D6H9H0	TUDOR-SN protein 1	-0,006117725577	0,8650859155	UNCHANGED	UP
B8A0V4	Beta-galactosidase	0,9225124743	0,8942914542	UNCHANGED	UP
P18026	Tubulin beta-2 chain	0,1507362248	-	UNCHANGED	ÚNICA_ESTRESSE
A0A804PWN3	Vacuolar proton pump subunit B	-	-	UNCHANGED	ÚNICA_ESTRESSE
A0A1D6I3L1	Elongation factor 2	-	-	UNCHANGED	ÚNICA_ESTRESSE
B4FHH2	30S ribosomal protein S3_chloroplastic	-	-	UNCHANGED	ÚNICA_ESTRESSE
K7VA99	60S ribosomal protein L5-1 homolog b	0,6493862994	-	UNCHANGED	ÚNICA_ESTRESSE
A0A1D6JMR7	60S ribosomal protein L5-1	-	-	UNCHANGED	ÚNICA_ESTRESSE
A0A1D6EGA9	Aconitate hydratase	-	-	UNCHANGED	ÚNICA_ESTRESSE
A0A1D6EEB5	transketolase	-	-	UNCHANGED	ÚNICA_ESTRESSE
B6T207	Cytochrome P450 71A26	-	-	UNCHANGED	ÚNICA_ESTRESSE

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
B4FQH2	Trans-cinnamate 4-monooxygenase	-0,3488235148	-	UNCHANGED	ÚNICA_ESTRESSE
B4FT52	Omega-hydroxypalmitate O-feruloyl transferase	-	-	UNCHANGED	ÚNICA_ESTRESSE
C4J6E4	Peroxidase 42	-	-1,191677038	UNCHANGED	DOWN
O49010	Herbicide safener binding protein	-0,1635847371	-0,6691336283	UNCHANGED	DOWN
B4FS03	adenine phosphoribosyltransferase	0,3658679363	-0,6029566178	UNCHANGED	DOWN
B4FMX4	Glutamine synthetase	0,3765859479	-1,328893525	UNCHANGED	DOWN
Q7SIC9	Transketolase_chloroplastic	-0,1910508849	-0,6420373545	UNCHANGED	DOWN
P52580	Isoflavone reductase homolog IRL	-0,146377135	-1,745216324	UNCHANGED	DOWN
A0A804MNZ3	Glucose-6-phosphate isomerase	-0,4989326785	-0,8644883674	UNCHANGED	DOWN
Q6RW09	allene-oxide cyclase	0,2951524705	-0,6458340042	UNCHANGED	DOWN
A0A804UF15	Aminotransferase class I/classII domain-containing protein	-0,5730945054	-1,175418983	UNCHANGED	DOWN
B4FNN8	Soluble epoxide hydrolase	-0,3651708488	-0,9228783458	UNCHANGED	DOWN
P02582	Actin-1	0,2009694943	-0,9678660252	UNCHANGED	DOWN
Q08704	Chalcone--flavanone isomerase	0,02694664833	-0,7489456094	UNCHANGED	DOWN

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
B4G066	methylmalonate-semialdehyde dehydrogenase (CoA acylating)	-0,5283408715	-1,337938638	UNCHANGED	DOWN
A0A804MAH6	Uncharacterized protein	0,4646410407	-0,8873478529	UNCHANGED	DOWN
B4FVU4	Alpha/beta hydrolase fold-3 domain-containing protein	0,1533119751	-1,151735224	UNCHANGED	DOWN
A0A804MVQ2	Patatin	-1,075090598	-1,027307889	UNCHANGED	DOWN
B4FAJ4	2-hydroxyacyl-CoA lyase	-0,1522179221	-0,9838906916	UNCHANGED	DOWN
A0A804PNY3	Subtilisin-like protease SBT1.4	0,2474181644	-0,7416709597	UNCHANGED	DOWN
A0A804LSM1	Nitronate monooxygenase domain-containing protein	-0,03426609875	-1,3031383	UNCHANGED	DOWN
A0A1D6GEX5	Short chain alcohol dehydrogenase1	-0,3909311488	-0,8058525394	UNCHANGED	DOWN
A0A804NMD2	Uncharacterized protein	0,3322815831	-0,9206895228	UNCHANGED	DOWN
K7URK6	Glycosyltransferase	-0,36332925	-1,350255166	UNCHANGED	DOWN
A0A1D6NVZ6	3-phosphoshikimate 1-carboxyvinyltransferase	-0,1687171579	-0,58512876	UNCHANGED	DOWN
B4FTK9	Alpha/beta-Hydrolases superfamily protein	0,2090691456	-1,495645214	UNCHANGED	DOWN
A0A804PRM4	acetylornithine transaminase	1,386735194	-0,7274949681	UNCHANGED	DOWN
B4FBW5	cinnamyl-alcohol dehydrogenase	-0,7632109222	-1,096003787	UNCHANGED	DOWN

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A804NLJ5	Probable methylthioribulose-1-phosphate dehydratase	-0,1519447285	-0,7269186425	UNCHANGED	DOWN
A0A804Q218	Nitrite/Sulfite reductase ferredoxin-like domain-containing protein	0,7105711289	-0,8092623413	UNCHANGED	DOWN
A0A1D6NEY9	glutathione transferase	-	-1,750853675	UNCHANGED	DOWN
P11143	Heat shock 70 kDa protein	-	-	UNCHANGED	ÚNICA_CONTROLE
A0A804N5U7	Phytase	0,4072072437	-	UNCHANGED	ÚNICA_CONTROLE
A0A1D6F1Y3	Ras-related protein RABH1e	-	-	UNCHANGED	ÚNICA_CONTROLE
A0A804NQS6	Cell division cycle protein 48	-	-	UNCHANGED	ÚNICA_CONTROLE
C0P892	Aquaporin PIP1-2	-	-	UNCHANGED	ÚNICA_CONTROLE
A0A096UAZ3	3-isopropylmalate dehydratase small subunit 2	-	1,015043243	-	UP
Q9FQA1	Glutathione S-transferase	-	1,17199526	-	UP
A0A804ULH4	Xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase	-	1,919480714	-	UP
A0A804PZ97	FAS1 domain-containing protein	-	1,345932864	-	UP
B4G1C1	Putative desiccation-related protein LEA14	-	0,7463801976	-	UP

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
B4F8P0	Eukaryotic aspartyl protease family protein	-	2,812495243	-	UP
A0A804PPF4	Aminotransferase class I/classII domain-containing protein	-	0,8846991307	-	UP
B4G1Z2	Xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase	-	2,428651454	-	UP
A0A1D6DVH0	glucose-6-phosphate 1-epimerase	-	0,8613574311	-	UP
A0A804ULF4	Obg-like ATPase 1	-	0,6515244101	-	UP
B4F8S9	FAS1 domain-containing protein	-	1,213366798	-	UP
B4FBV8	Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit G	-	0,8121578769	-	UP
A0A804MLL1	Polyadenylate-binding protein	-	1,0458681	-	UP
A0A1D6K8H5	Expansin-B4	-	-	-	ÚNICA_ESTRESSE
A0A1D6JZU3	Pathogenesis-related protein 10	-	-1,408334564	-	DOWN
Q9XGD5	Caffeoyl-CoA O-methyltransferase 2	-	-1,121395237	-	DOWN
P28516	Pyruvate decarboxylase 1	-	-0,6553922381	-	DOWN
B6SZY7	glutathione transferase	-	-2,17508998	-	DOWN

Tabela 6. cont.

ID	Função	Log2FC		Regulação	
		TS/TC	SS/SC	TS/TC	SS/SC
A0A804PS72	Gnk2-homologous domain-containing protein	-	-0,8965653559	-	DOWN
A0A1D6KCW2	Glyoxylate reductase	-	-1,886408528	-	DOWN
B6TKC8	Gibberellin receptor GID1L2	-	-0,7607536236	-	DOWN
C0HF79	Phosphotransferase	-	-1,574793166	-	DOWN
A0A1D6ETQ1	Cytochrome P450 71A26	-	-0,9580027692	-	DOWN
A0A804LLC1	Phospholipase D	-	-1,062466669	-	DOWN
B6TKQ4	NAD(P)-linked oxidoreductase superfamily protein	-	-	-	ÚNICA_CONTROLE