

**UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO
CENTRO DE ENERGIA NUCLEAR NA AGRICULTURA**

MARIANA DA SILVA AZEVEDO

**Competência organogênica *in vitro* das linhagens MT-*Rg1* e MT-*pro* em
tomateiro (*Solanum lycopersicum* L. cv Micro-Tom)**

Piracicaba

2016

MARIANA DA SILVA AZEVEDO

**Competência organogênica *in vitro* das linhagens MT-*Rg1* e MT-*pro* em
tomateiro (*Solanum lycopersicum* L. cv Micro-Tom)**

**Tese apresentada ao Centro de Energia Nuclear
na Agricultura da Universidade de São Paulo
para obtenção do título de Doutor em Ciências**

**Área de Concentração: Biologia na Agricultura e
no Ambiente**

**Orientador: Prof. Dr. Antonio Vargas de Oliveira
Figueira**

Piracicaba

2016

AUTORIZO A DIVULGAÇÃO TOTAL OU PARCIAL DESTE TRABALHO, POR QUALQUER MEIO CONVENCIONAL OU ELETRÔNICO, PARA FINS DE ESTUDO E PESQUISA, DESDE QUE CITADA A FONTE.

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Seção Técnica de Biblioteca - CENA/USP

Azevedo, Mariana da Silva

Competência organogênica *in vitro* das linhagens MT-*Rg1* e MT-*pro* em tomateiro (*Solanum lycopersicum* L. cv Micro-Tom) / Mariana da Silva Azevedo; orientador Antonio Vargas de Oliveira Figueira. - - Piracicaba, 2016.

126 f.: il.

Tese (Doutorado – Programa de Pós-Graduação em Ciências. Área de Concentração: Biologia na Agricultura e no Ambiente) – Centro de Energia Nuclear na Agricultura, Universidade de São Paulo.

1. Expressão gênica 2. Organogênese vegetal 3. Transcriptoma I. Título

CDU (581.1 + 579.258) 635.64

Em memória aos meus falecidos
avós, Antônio e Euclídia

OFEREÇO

Aos meus pais, pelo incentivo
e apoio durante toda esta jornada

DEDICO

AGRADECIMENTOS

Em primeiro lugar agradeço a minha família, principalmente aos meus pais Osires e Maria José, que sempre me apoiaram, incentivaram e são minha referência. Agradeço por todos os anos e por todo o carinho que eles tiveram comigo. Agradeço também ao meu namorado Jonata por ter permanecido ao meu lado durante todos estes anos do doutorado.

Ao Prof. Dr. Antonio Figueira por ter me orientado nas etapas finais do doutorado e por ter coloborado durante toda a redação desta tese.

Ao Prof. Dr. Victor Alexandre Vitorello pelas sugestões experimentais e por todas as discussões sobre os resultados obtidos.

Ao Prof. Dr. Lázaro Peres pelo projeto de doutorado e por ter me orientado durante as etapas iniciais deste trabalho.

A Prof^a Dr^a Marie-Anne Van Sluys por ter me recebido tão bem em seu laboratório e pelas sugestões dadas para a realização deste projeto. A todos do GaTE lab, principalmente a Erika de Jesus, pois sem ela eu não teria conseguido realizar a primeira parte deste trabalho.

A FAPESP, pela concessão da bolsa de estudos e pelo apoio financeiro para a realização deste trabalho (Processo nº 2013/20171-4).

Ao CENA, pela oportunidade de realizar o doutorado e a todos os funcionários que me ajudaram muito durante estes 3 anos.

A todos do Laboratório de Melhoramento de Plantas, principalmente aos técnicos Inês, Wlamir, Raquel e Felippe e a Danielle Scotton, pois sem ela eu não teria conseguido terminar os experimentos deste projeto.

A todos do Laboratório de Biologia Celular e Molecular III, Jonathas, Naiara e principalmente a técnica Mariana, por toda o auxílio nas etapas finais deste doutorado.

A todos do Laboratório de Controle Hormonal do Desenvolvimento Vegetal, principalmente a técnica Cássia, por todos ensinamentos sobre as técnicas de antomia vegetal e a Lilian, pelo apoio e amizade durante todos estes anos. A Juliana Almeida, pela amizade e por todas as risadas nos dias que ela passou em Piracicaba.

Aos amigos da Graduação, Aline Bombo, Aline Guidolin, Keini Dressano, Thais Degasperi, Eveline Calderan e Juliana Matos, por estarem sempre presentes, Kátia Cezarino, Luana Amorim, Thais Hiramoto e Thais Melo por todas as conversas divertidas.

Aos amigos da minha adolescência, Pedro, Danny, Mariana Palmeira, Thais Sgasbiero, Leandro, Raquel, Bianca, Matheus Facca, Graziela Sbravatti, Paulo, Juliana Donati e Bruno, que de uma forma ou de outra estão sempre ao meu lado.

A todos que, de alguma maneira, direta ou indiretamente, contribuíram e me incentivaram na realização deste trabalho, muito obrigada!

“Há um tempo em que é preciso abandonar as roupas usadas, que já tem a forma do nosso corpo, e esquecer os nossos caminhos, que nos levam sempre aos mesmos lugares. É o tempo da travessia: e, se não ousarmos fazê-la, teremos ficado, para sempre, à margem de nós mesmos.”
(Fernando Teixeira de Andrade)



RESUMO

AZEVEDO, M. da S. **Competência organogênica *in vitro* das linhagens MT-*Rg1* e MT-*pro* em tomateiro (*Solanum lycopersicum* L. cv Micro-Tom).** 2016. 126 f. Tese (Doutorado) – Centro de Energia Nuclear na Agricultura, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2016.

Diversos estudos elucidaram mecanismos envolvidos com a organogênese *in vitro*, porém pouco é conhecido a respeito da fase de aquisição de competência, fundamental para que a regeneração ocorra. Alguns genes já foram identificados por interferirem na fase de aquisição de competência em tomateiro (*Solanum lycopersicum*), mas ainda existem diversas lacunas a serem esclarecidas. Para investigar a expressão de genes e o controle hormonal na fase de aquisição de competência, foram utilizados os mutantes de tomateiro, sob o *background* genético da cultivar Micro-Tom (MT), MT-*Rg1* e MT-*pro* (*procera*), os quais afetam positiva ou negativamente a organogênese *in vitro*, respectivamente. Embora a resposta constitutiva à giberelina no mutante MT-*pro* seja conhecida, a identidade molecular do gene *RG1* permanece indefinida. O mutante MT-*Rg1* apresenta aumento tanto na formação de gemas caulinares quanto de raízes e reduz o tempo necessário para a indução desses órgãos, devido à diminuição do período para a aquisição de competência. A partir do estabelecimento das fases de aquisição de competência e indução da organogênese *in vitro* para MT e MT-*Rg1*, foram identificados genes diferencialmente expressos entre estes genótipos. Entre estes genes, *CELL DIVISION CYCLE ASSOCIATED 7* e *LACCASE 1A* estão regulados positivamente em MT-*Rg1* e todos estão fortemente relacionados à fase de aquisição de competência, e a alterações na proliferação de células do protoxilema durante o início da organogênese. Por outro lado, a resposta constitutiva à giberelina no mutante MT-*pro* reduz a formação de gemas caulinares e raízes e aumenta a formação de calos *in vitro*, sem afetar o tempo requerido para a indução de gemas caulinares e raízes. De forma oposta a MT-*Rg1*, o gene *CDCA7* apresenta expressão reduzida durante a fase de aquisição de competência em MT-*pro*, diminuindo o número de células do protoxilema em divisão. Outro fator importante para a divisão celular no mutante MT-*pro* é o aumento da expressão do gene *WUS*, causando um aumento da proliferação das *stem cells*, que são células indiferenciadas relacionadas à formação de novos órgãos. Esta proliferação celular inadequada, somada a uma alteração desfavorável na homeostase das citocininas, justifica o efeito negativo do alelo *pro* na formação de gemas caulinares, o que permitiu a criação de um novo modelo para organogênese *in vitro*.

Palavras-chave: Aquisição de competência. Giberelina. Organogênese. Transcriptoma.

ABSTRACT

AZEVEDO, M. da S. *In vitro* organogenic competence of tomato lineages MT-*Rg1* and MT-*procera* (*Solanum lycopersicum* L. cv Micro-Tom). 2016. 126 f. Tese (Doutorado) – Centro de Energia Nuclear na Agricultura, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2016.

Several studies have enabled the discovery of mechanisms to achieve *in vitro* organogenesis; however, little is known about the phase of acquisition of competence, essential for regeneration. A few genes have been identified to interfere in the acquisition of the competence phase in tomato (*Solanum lycopersicum*), but there are still many gaps to be filled. We have used the mutants, under the genetic background of the Micro-Tom cultivar, MT-*Rg1* and MT-*pro* (*procera*), which positively or negatively affect *in vitro* organogenesis, respectively, to investigate gene expression and the hormonal control in the phase of acquisition of competence. Despite the fact that the constitutive gibberellin response in the *procera* mutant is well-established, the molecular identity of *RG1* gene remains unknown. The MT-*Rg1* mutant presents an increase in the formation of both shoot and roots and a reduced period for the induction of these organs, because of the reduced time required for acquisition of competence. We searched for the identity of differentially expressed genes between MT and MT-*Rg1* after the establishment of the competence acquisition phase and organogenesis induction stages. Among those genes, *CDCA7* and *LAC1A* are upregulated in MT-*Rg1* and these genes appear to be strongly related with the acquisition of competence phase and changes in proliferation of protoxylem cells during early organogenesis. The constitutive response to gibberellin in the MT-*pro* mutant decreases the formation of shoot and roots and increase *in vitro calli* formation, without reducing the induction phase of shoots and roots. Unlike MT-*Rg1*, MT-*pro* reduces the *CDCA7L* expression during the acquisition of competence phase, causing a reduction of the protoxylem dividing cells. Another important factor for cell division in MT-*pro* mutant is the increased expression of the *WUS* gene, leading to an abnormal proliferation of stem cells. Thereby, this abnormal cell proliferation, in addition to an unfavorable change in the cytokinin homeostasis, justify the negative effect of the *pro* allele in the shoot formation, which enabled the proposal of a new model for *in vitro* organogenesis.

Keywords: Competence acquisition. Gibberellin. Organogenesis. Transcriptome.

LISTA DE ABREVIATURAS

ANA = ácido α -naftalenoacético

BAP = 6-benzilaminopurina

BM = *Basal Medium*

CIM = *Callus Induction Medium*

CK = citocinina

d = dias

GA₃ = ácido giberélico

h = horas

MB = meio basal

min = minutos

MS = Murashige & Skoog

MT = Micro-Tom

NILs = *near isogenic lines*

PBZ = paclorbutazol

PCR = Polymerase Chain Reaction ou Reação em cadeia da polimerase

pro = *procera*

RIM = *Root Induction Medium*

s = segundos

SIM = *Shoot Induction Medium*

U = unidade

ZEA = zeatina

SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO E OBJETIVOS	17
2 REVISÃO DE LITERATURA	21
2.1 Mecanismos moleculares para a organogênese <i>in vitro</i>	21
2.2 Citocininas	23
2.3 Giberelinas	25
2.4 A importância do balanço hormonal para a organogênese <i>in vitro</i>	27
2.5 Crosstalk entre os hormônios citocinina e giberelina.....	30
3 ANÁLISE DO TRANSCRIPTOMA (RNA-seq) ASSOCIADA À FASE DE AQUISIÇÃO DE COMPETÊNCIA ORGANOGENÍCA EM TOMATEIRO (<i>Solanum lycopersicum</i> L. cv MICRO-TOM)	33
3.1 Introdução	33
3.2 Material E Métodos	34
3.2.1 Material vegetal e condições de cultivo em casa de vegetação.....	34
3.2.2 Cultivo <i>in vitro</i> dos genótipos	35
3.2.2.1 Tempo de indução de raízes	36
3.2.2.2 Validação da expressão de genes identificados pelo RNA-seq	36
3.2.2.3 Análises Histológicas	36
3.2.3 Estudo dos perfis transcripcionais por RNA-Seq na plataforma SOLiD 3	36
3.2.4 Desenho dos iniciadores	37
3.2.5 Extração de RNA.....	39
3.2.6 Análises por qRT-PCR	40
3.2.7 Análises Anatômicas	40
3.3 Resultados E Discussão	41
3.3.1 <i>Rg1</i> reduz o tempo de indução de raízes <i>in vitro</i>	41
3.3.2 A análise dos perfis transcripcionais indica novos genes envolvidos com a fase de aquisição de competência da organogênese <i>in vitro</i>	42
3.3.3 A análise dos genes diferencialmente expressos revela a importância dos genes <i>LACCASE 1A</i> e <i>CELL DIVISION CYCLE ASSOCIATED 7</i> para a fase de aquisição de competência	50
3.3.4 A análise dos cotilédones regenerantes revela que MT- <i>Rg1</i> possui um número maior de células do protoxilema.....	57
3.4 Conclusões.....	59

4 O MUTANTE DE TOMATEIRO <i>procera</i> CONTROLA A REGENERAÇÃO <i>IN VITRO</i> POR MEIO DE UM <i>CROSSTALK</i> ENTRE GIBERELINA E CITOCININA.....	61
4.1 Introdução	61
4.2 Material E Métodos.....	62
4.2.1 Material vegetal e condições de cultivo em casa de vegetação	62
4.2.2 Cultivo <i>in vitro</i> dos genótipos	63
4.2.3 Desenho dos iniciadores, extração de RNA e análises por qRT-PCR	66
4.2.4 Análises anatômicas e ensaio histoquímico com GUS	67
4.3 Resultados E Discussão	68
4.3.1 MT- <i>pro</i> reduz a formação de gemas caulinares e raízes e aumenta a formação de calos <i>in vitro</i>	68
4.3.2 MT- <i>pro</i> altera a expressão dos genes <i>WUSCHEL</i> e <i>TKn2</i> e interfere no processo de divisão celular	75
4.3.3 MT- <i>pro</i> reduz a formação de gemas caulinares devido a um <i>crosstalk</i> entre a sinalização por giberelina e citocinina.....	79
4.3.4 Giberelina pode influenciar negativamente a concentração de citocinina através de alterações na expressão de citocininas oxidases (<i>CKXs</i>)	83
4.4 Conclusões	87
5 CONCLUSÕES FINAIS E NOVAS PERSPECTIVAS.....	89
REFERÊNCIAS	93
APÊNDICE	113

1 INTRODUÇÃO E OBJETIVOS

Dentre os procedimentos mais importantes na biotecnologia de plantas está o cultivo *in vitro*, que em condições ideais é utilizado para obter uma planta completa a partir de uma única célula, tecidos ou órgãos (KERBAUY, 1999). A propagação *in vitro* é possível devido à característica de totipotência das células vegetais. Assim, células totipotentes são aquelas aptas a originar todos os tipos celulares que formam o corpo do organismo (VERDEIL et al., 2007), permitindo que diversos tipos de explantes (segmentos de diversas partes da planta) possam ser utilizados para a micropopragação *in vitro*.

A micropopragação auxilia em pesquisas biológicas básicas e aplicadas. O cultivo *in vitro* permite o aprimoramento de novas técnicas, como a transformação genética de plantas, a qual é utilizada para obter plantas geneticamente modificadas para uso agrícola ou para estudos funcionais (CID; TEIXEIRA, 2014; TORRES; CALDAS; BUSO, 1998). A cultura de tecidos vegetais pode ser usada para criopreservação vegetal, servindo como uma opção para conservação segura em longo prazo de suspensões de células, calos, ápices e embriões somáticos e zigóticos (SHARMA, 2005). Outra aplicação da micropopragação é a hibridação somática, utilizada para a obtenção de híbridos via a fusão de protoplastos de variedades com características complementares, tornando-se importante em programas de melhoramento genético de citros, por exemplo (MENDES-DA-GLÓRIA; MOURÃO FILHO; APPEZZATO-DA-GLÓRIA, 2001).

Por se tratar de um fenômeno inteiramente artificial (cultivo *in vitro*), e, portanto, desprovido de propósito e seleção natural, a elucidação de seus mecanismos e controles representam um desafio. O sucesso de programas de transformação genética de plantas depende da capacidade de regeneração das espécies em estudo, podendo a própria capacidade de regeneração *in vitro* tornar-se alvo de estudos genéticos e melhoramento (ARIKITA et al., 2013; FERREIRA et al., 1998; KOORNNEEF et al., 1986; LIMA et al., 2004). Muitas vezes, as diferenças na capacidade de regeneração das espécies vegetais podem ser controladas por poucos genes (KOORNNEEF et al., 1987; FARIA; ILLG, 1996). No caso do tomateiro, a espécie *S. peruvianum* L. possui capacidade de regeneração superior ao tomateiro cultivado (*S. lycopersicum* L Syn *Lycopersicon esculentum* Mill.) (KOORNNEEF et al., 1987).

A regeneração de um novo indivíduo a partir do cultivo de explantes *in vitro* pode ocorrer por meio da embriogênese somática ou da organogênese (ZIMMERMANN, 2014).

No primeiro caso, algumas células somáticas podem tornar-se embriões (estruturas bipolares – apresentando meristemas apical e radicular) e desenvolver-se normalmente (ZIMMERMANN, 2014). Por outro lado, a organogênese está relacionada com a criação de uma nova organização celular nos tecidos e o surgimento de novos órgãos (unipolar – um meristema, radicular ou apical) em locais onde antes não existiam (*de novo*) – órgãos adventícios (LEMOS, 2014). Enquanto o processo molecular de embriogênese somática ainda é pouco compreendido (VERDEIL et al., 2007; YANG; ZHANG, 2010), diversos mecanismos da organogênese *in vitro* já foram esclarecidos para a planta modelo *Arabidopsis thaliana* (DUCLERCQ et al., 2011; MENG; ZHANG; LEMAUX, 2010).

Ao estudarem a organogênese *in vitro*, Christianson e Warnick (1983; 1988) dividiram o processo em 3 etapas principais, de acordo com as modificações histológicas ocorridas: a aquisição de competência, a indução e a determinação. As células que já passaram pela fase de rediferenciação tornam-se capazes de assumir uma nova via de desenvolvimento durante a aquisição de competência. Na fase de indução, a regeneração torna-se específica de acordo com a composição hormonal do meio de cultura, e durante a determinação, os tecidos induzidos formam um meristema funcional e desenvolvem-se em raízes ou gemas caulinares. A partir desta divisão do processo de regeneração, foi postulado que a não obtenção da regeneração de plantas *in vitro* seria, na maioria dos casos, atribuída à falha do explante em adquirir a competência necessária para a indução do processo.

Apesar de se ter bem clara a importância do balanço auxina/citocinina aplicado ao meio de cultura na fase de indução da organogênese (SKOOG; MILLER, 1957), poucos estudos investigaram o papel do balanço hormonal endógeno dessas classes hormonais no explante durante a organogênese (PERES; KERBAUY, 1999). Este conhecimento é relevante, pois, em última análise, os processos organogênicos são reflexos diretos do balanço endógeno auxina/citocinina, sendo o balanço voltado para a auxina responsável pela formação de raízes; o balanço voltado para citocinina responsável pela formação de gemas caulinares e o balanço intermediário responsável pela formação de calos (SKOOG; MILLER 1957). Desse modo, uma das possíveis causas da falha em se conseguir organogênese *in vitro* pode ser devido a não obtenção desse balanço endógeno. O metabolismo hormonal desfavorável do explante ou a baixa sensibilidade a essas classes hormonais durante a fase de indução pode impedir que esse balanço seja alcançado (PERES, 2002).

No presente trabalho foi utilizado o tomateiro (*Solanum lycopersicum*) como modelo genético para os estudos da regeneração *in vitro* por apresentar padrão morfogenético distinto do de arabadopsis (PRATT et al., 1997); por possuir genoma diploide pequeno (950 Mb) já sequenciado (THE TOMATO GENOME CONSORTIUM, 2012); por ser uma espécie autógama (SHIBATA, 2005); e por apresentar uma ampla riqueza de germoplasma constituída por espécies selvagens que podem ser cruzadas com o tomateiro cultivado (STEVENS; RICK, 1986). A cultivar miniatura de tomateiro ‘Micro-Tom’ (MT) possui porte pequeno, produz frutos maduros em 70-90 dias (MEISSNER et al., 1997) e pode ser cultivada sob condições similares àquelas requeridas para arabadopsis (EMMANUEL; LEVY, 2002). MT também possui estoques de mutantes de diversas vias hormonais e etapas do desenvolvimento vegetal introgredidas (CARVALHO et al., 2011), além de dispor de um eficiente protocolo de transformação genética via *Agrobacterium* (PINO et al., 2010). Devido a todas estas vantagens, MT tornou-se um importante modelo de estudo para inúmeras linhas de pesquisa (CARVALHO et al., 2011; DEGANELLO et al., 2014; GRATÃO et al., 2015; MARTÍ et al., 2006; SERRANI et al., 2007; SESTARI et al., 2014; SILVA et al., 2014; TOHGE et al., 2015), incluindo estudos envolvendo a regeneração *in vitro* (LOMBARDI-CRESTANA et al., 2012; PINO et al., 2010).

Poucos estudos estão relacionados à aquisição de competência, sendo encontrados apenas dois mutantes em arabadopsis. Um deles, o mutante *ire*, aumenta especificamente a competência (CARY et al., 2001) e os mutantes *srd*, diminuem esta capacidade (OZAWA et al., 1998; YASUTAMI et al., 1994). Desse modo, torna-se muito importante o estudo de novos mutantes que alterem a aquisição de competência, bem como novos genes envolvidos nesta via. Os trabalhos sobre organogênese em MT demonstraram dois importantes mutantes envolvidos com a fase de aquisição de competência, por atuarem tanto na formação de gemas caulinares quanto de raízes (LOMBARDI-CRESTANA et al., 2012). Enquanto o mutante MT-*Rg1* aumenta a formação de ambos os órgãos, o mutante MT-*pro* apresenta a redução da regeneração (LOMBARDI-CRESTANA et al., 2012). Porém, pouco é conhecido a respeito dos mecanismos genéticos ou hormonais que causam as alterações na organogênese *in vitro* de ambos os mutantes, sendo necessários novos estudos.

Portanto, o presente trabalho teve por objetivo o estudo da organogênese *in vitro* da cultivar MT, identificando genes chaves para a aquisição de competência. De maneira mais específica, foram desenvolvidas atividades que tinham por objetivos:

- I. Definição da fase de aquisição de competência em tomateiro e análise do transcriptoma associado a esta fase em MT e MT-*Rg1*;
- II. Estudo dos mecanismos anatômicos, histoquímicos e moleculares relacionados à baixa regeneração *in vitro* do mutante MT-*pro*.

Duas hipóteses a respeito da organogênese *in vitro* em MT foram testadas:

- I. A identidade molecular do gene *RG1* estaria relacionada com genes homeóticos, como *WUSCHEL*, *CLAVATA* ou genes *KNOX* tipo 1, favorecendo o aumento da regeneração no alelo dominante *Rg1*.
- II. A redução da regeneração no mutante MT-*pro* deve ser causada pela influência negativa das giberelinas no metabolismo de citocininas, especificamente durante a fase de aquisição de competência para a organogênese *in vitro*.

2 REVISÃO DA LITERATURA

2.1 Mecanismos moleculares da organogênese *in vitro*

Organogênese pode ser definida como o surgimento unipolar de novos órgãos em locais onde não existiam previamente (*de novo*) (LEMOS, 2014). A organogênese pode ocorrer de forma direta, na qual a indução de raízes ou gemas caulinares não necessita da formação de calos, ou de forma indireta, a qual depende da formação de calos para que este processo ocorra (HICKS, 1994). Um exemplo amplamente estudado de organogênese indireta ocorre na planta modelo *Arabidopsis thaliana* (SUGIMOTO; MEYEROWITZ, 2013; VALVEKENS et al., 1988). Os procedimentos clássicos para a formação de gemas caulinares a partir de explantes radiculares e hipocotiledonares geralmente envolvem duas etapas: a incubação em um meio indutor de calos (CIM), no qual os explantes adquirem a competência necessária para a formação de órgãos, e a incubação em um meio indutor de gemas caulinares (SIM), no qual os explantes são induzidos a formar novos órgãos (CHRISTIANSON; WARNICK, 1983; GAUTHERET, 1966; HICKS, 1980; VALVEKENS et al., 1988).

Para discutir a organogênese direta, pode-se citar o tomateiro como exemplo, o qual também é utilizado como planta modelo (KOORNNEEF et al., 1986; LOMBARDI-CRESTANA et al., 2012; PINO et al., 2010). Embora possa ocorrer uma calogênese não induzida durante a regeneração de tomateiro, esta prejudica a formação de gemas caulinares a partir de explantes radiculares (PERES et al., 2001). Além disso, os genótipos com maior capacidade de regeneração apresentam redução nesta calogênese não induzida (PERES et al., 2001). Portanto, a incubação em SIM é suficiente para a formação de gemas caulinares a partir de explantes radiculares, cotiledonares e hipocotiledonares, sem que ocorra a indução de calos (KOORNNEEF et al., 1986; LOMBARDI, 2008; LOMBARDI-CRESTANA et al., 2012; PINO et al., 2010).

Christianson e Warnick (1985) postularam que, embora as etapas para a formação de órgãos fossem iguais, tanto para a formação de gemas caulinares quanto de raízes, a aquisição de competência seria distinta entre estas duas vias. Porém, estudos anatômicos clássicos (BONNETT JUNIOR; TORREY, 1966) e estudos envolvendo a análise de expressão gênica (ATTA et al., 2009; SUGIMOTO; JIAO; MEYEROWITZ, 2010) sugerem que o início da organogênese e aquisição de competência seguem uma via comum. Além disso, todos os tecidos capazes de regenerar *in vitro*, tais como cotilédones, pétalas, calos e raízes,

possuem uma população de células preexistentes de identidade semelhante ao periciclo (SUGIMOTO; JIAO; MEYEROWITZ, 2010; SUGIMOTO; GORDON; MEYEROWITZ, 2011). As chamadas *stem cells*, ou células indiferenciadas, em plantas também são relacionadas à formação de novos órgãos (DUCLERCQ et al., 2011). Além disso, quanto maior for o comprometimento ou a determinação de um explante para uma via particular de desenvolvimento, menor será sua competência para a formação de um novo órgão (LOMBARDI-CRESTANA et al. 2012).

Diversos estudos corroboram a ideia de que as células necessárias à organogênese em um explante possuem identidade similar àquelas células presentes no meristema, já que a formação desse tecido é anterior à formação de um órgão (CHRISTIANSON; WARNICK, 1988; HICKS, 1994). Entre os diversos fatores de transcrição que regulam a formação inicial do meristema apical caulinar (MAC), *SHOOTMERISTEMLESS* (*STM*), o qual é um gene KNOX do tipo I, e *WUSCHEL* (*WUS*) ocupam posições cruciais na rede genética controladora da organização do MAC (TRAAS; MONÉGER, 2010). Após o estabelecimento do MAC, ocorre um ciclo de realimentação envolvendo os genes *WUS* e *CLAVATA3* (*CLV3*) (BUSCH et al., 2010). Segundo este ciclo de retroalimentação, proposto para arábido, a expressão do gene *WUS* na região do centro organizador mantém células iniciais, induzindo a expressão do gene *CLV3*, o qual, por sua vez é um regulador negativo de *WUS* (BUSCH et al., 2010). No entanto, foi observada uma via diferente para a organogênese *in vitro* onde os novos MACs eram formados *de novo* sem a orientação de informações pré-existentes, pois estas informações são severamente comprometidas no tecido original pela cultura *in vitro* (DUCLERCQ et al., 2011).

Estudos envolvendo expressão gênica e genes repórteres identificaram a importância de diversos genes de origem meristemática para a formação *de novo* de órgãos *in vitro* (ATTA et al., 2009; SUGIMOTO et al., 2010). Alguns estudos mostram a importância de *WUS* e *STM* durante a fase de indução de gemas caulinares, enquanto os genes *CUP-SHAPED COTYLEDON 1* (*CUC1*) e *CUP-SHAPED COTYLEDON 2* (*CUC2*), os quais atuam de forma redundante na formação do MAC embrionário, são expressos enquanto os explantes radiculares de arábido são mantidos em CIM, durante a fase de aquisição de competência (CARY et al., 2002; CHE et al., 2007; GORDON et al., 2007). Além disso, observou-se que os locais de expressão dos genes *CUC2* e *WUS* são gradualmente divididos em regiões distintas durante a formação de gemas caulinares a partir de calos (GORDON et al., 2007).

Após a expressão do gene *WUS*, o gene *CLV3* é expresso no ápice do primórdio formado durante a conversão de gemas caulinares em meristemas apicais (CHATFIELD et al., 2013). Estudos mostraram que a perda de função ou a superexpressão do gene *WUS* reduz severamente ou aumenta a regeneração *in vitro*, respectivamente (CHATFIELD et al., 2013; GALLOIS et al., 2004; GORDON et al., 2007). Além disso, mutantes dos genes alvos de *WUS* também apresentam alterações na capacidade de regeneração *in vitro* (CHATFIELD et al., 2013). Embora muitos estudos tenham sido realizados com o intuito de desvendar a organogênese *in vitro*, pouco se sabe sobre os mecanismos moleculares envolvendo a organogênese direta em plantas como o tomateiro e se os dois tipos de organogênese compartilham os mesmos mecanismos.

2.2 Citocininas

As citocininas participam na regulação de diversos processos vegetais, incluindo a divisão e a diferenciação celular (SKOOG; MILLER, 1957; MOK; MOK 1994), morfogênese da parte aérea e raízes (WERNER et al., 2001; 2003), transdução de sinais nutricionais (SAKAKIBARA, 2005; SAMUELSON; LARSSON, 1993; TAKEI, 2001), formação de gemas caulinares (SKOOG; MILLER, 1957), formação de cloroplastos (MOK; MOK, 2001) e senescência foliar (GAN; AMASINO, 1995; HABERER; KIEBER; 2002; MOK, MOK; 1994; 2001). As citocininas promovem ainda o desestiolamento, a quebra da dominância apical e atuam durante a interação planta-patógeno (HABERER; KIEBER; 2002), além de regular o desenvolvimento das sementes (RIEFLER et al., 2006), o estresse abiótico (TRAN et al., 2007) e a fotomorfogênese (MOK; MOK, 1994).

As citocininas são sintetizadas principalmente nas raízes, de onde são transportadas para o caule pelo xilema, porém, também são produzidas em embriões em desenvolvimento, folhas jovens, ápices caulinares e nos tecidos da galha da coroa (AKIYOSHI et al., 1984; CHEN; PETSCHOW, 1978; SCHMÜLLING, 2004; VAN STADEN; SMITH, 1978). A atuação deste hormônio pode ocorrer nas próprias células em que ele é produzido, nas células próximas ou a longas distâncias dos centros de produção (SCHMÜLLING, 2004). As citocininas de ocorrência natural são derivadas da adenina com substituições no N⁶ terminal por derivados de isoprenos ou cadeias aromáticas, sendo estas famílias chamadas de citocininas isoprenóides ou aromáticas, respectivamente (MOK; MOK 2001; STRNAD, 1997).

O isolamento do gene *IPT* (*ISOPENTENIL TRANSFERASE*) foi realizado pela primeira vez em *Agrobacterium* (AKIYOSHI et al., 1984; BARRY et al., 1984). Análises *in silico* permitiram identificar 9 genes homólogos a *IPT* em *Arabidopsis thaliana*, porém, apenas 7 destes genes (*AtIPT1*, *AtIPT3-AtIPT8*) são responsáveis pela produção de citocinina (TAKEI; SAKAKIBARA; SUGIYAMA, 2001; KAKIMOTO, 2001). A biossíntese de citocinina em plantas utiliza ADP ou ATP, que se liga ao IPP (isopentenil pirofosfato) e forma iPRMP (iP ribosídeo 5'- monofosfato), o qual é então convertido a tZRMP (trans-zeatina ribosídeo 5'-monofosfato) e posteriormente a trans-zeatina (forma ativa) pelas enzimas monooxigenases do citocromo P450 (TAKEI; SAKAKIBARA; SYGIYAMA, 2001).

Para a regulação dos níveis endógenos de citocininas, estas podem ser conjugadas com açúcares ou sofrerem degradação irreversível por ação da enzima citocinina oxidase (CKX). A conjugação pode ocorrer por meio da glicosilação nas posições N⁷ ou N⁹, produzindo citocininas glicosídicas N⁷ ou N⁹ (ENTSCH; LETHAM, 1979). Estas formas conjugadas geralmente apresentam baixa atividade em bioensaios e são pouco metabolizadas (LETHAM et al., 1983; PARKER; LETHAM, 1973; SPÍCHAL et al., 2004). As CKXs são enzimas que degradam as cadeias laterais de citocininas na posição N⁶ (HARE; VAN STADEN, 1994; WERNER et al., 2001; 2003) e em muitas plantas são responsáveis pela maioria da inativação metabólica de citocininas (MOK; MOK, 2001). Porém, estas enzimas são capazes de degradar apenas algumas citocininas como a trans-zeatina e a iP (isopenteniladenina), as quais possuem cadeias laterais N⁶ insaturadas, enquanto a citocinina sintética BAP (6- benzilamino purina) é resistente à clivagem da citocinina oxidase (MOK; MOK, 2001).

A sinalização da citocinina envolve uma cascata de transferência de fosfato semelhante ao sistema de dois componentes bacteriano (ARGUESO; RAINES; KIEBER, 2010; KAKIMOTO, 2003). Geralmente, este sistema consiste de um sensor do tipo kinase, que percebe o estímulo do ambiente, e de um regulador de resposta que propaga o sinal, frequentemente regulando diretamente a transcrição de genes alvos (DEL BIANCO; GIUSTINI; SABATINI, 2013; KIEBER, 2002). Em arábido, o sistema de fosforilação envolvido na transdução de sinal da citocinina é bastante conhecido, incluindo famílias gênicas de histidinas kinases (AHK2, AHK3 e CRE1/AHK4), proteínas de fosfotransferência de histidinas (AHPs) e reguladores de resposta (ARRs) (EL-SHOWK; RUONALA; HELARIUTTA, 2013).

Os ARR s são codificados por uma família multigênica e constituem um dos elementos finais da transdução de sinal de citocinina, compartilhando um domínio receptor semelhante (TO; KIEBER, 2008). Estas proteínas reguladoras de resposta são classificadas em ARR tipo-A, tipo-B e tipo-C, de acordo com seus domínios e capacidade de resposta a citocinina (KIBA et al., 2004; TO et al., 2007). As taxas de transcrição da maioria dos ARR s tipo-A (ARR3-9, ARR15-17) são induzidas rápida e especificamente em resposta à citocinina e atuam como reguladores negativos da via de transdução de citocinina, sendo este mecanismo de ação ainda desconhecido (D'AGOSTINO; DERUÈRE; KIEBER, 2000; TO et al., 2007). Os ARR s tipo-B (ARR1-2 e ARR10-14, ARR18-21) apresentam um domínio de ligação ao DNA, sendo desta forma fatores de transcrição que desempenham papel positivo na mediação da expressão gênica regulada por citocinina (D'AGOSTINO; DERUÈRE; KIEBER, 2000; TO et al., 2007; SAKAI et al., 1998). Os ARR s tipo-B regulam, em parte, a transcrição dos ARR s tipo-A (HWANG; SHEEN, 2001; SAKAI et al., 2001; TAKATSUKA; UMEDA, 2014). Os ARR s tipo-C são distorcamente relacionados aos ARR s tipo-A e tipo-B, além de não possuírem regulação transcricional por citocinina, como os ARR s tipo-A, ou um domínio de ligação como os ARR s tipo-B, embora estudos mostrem um papel negativo na via de transdução à citocinina (DEL BIANCO; GIUSTINI; SABATINI, 2013; KIBA et al., 2004).

2.3 Giberelinas

As giberelinas (GAs) são fatores de crescimento diterpenóides tetracíclicos, os quais são essenciais ao crescimento das plantas e afetam uma grande variedade de processos do desenvolvimento vegetal (HOOLEY, 1994). Mais de 100 tipos de GAs foram identificadas em plantas superiores, fungos e bactérias, mas apenas um pequeno número delas (GA_1 , GA_3 , GA_4 e GA_7) são ativas (COWLING et al., 1998). Diversos estudos moleculares esclareceram os mecanismos utilizados pela GA para coordenar o desenvolvimento de sementes e a germinação, o crescimento de plântulas, alongamento do caule, desenvolvimento foliar e crescimento de gemas no caule, além da indução floral e expansão do xilema (GABRIELE et al., 2010; IKEZAKI et al., 2010; MAURIAT; SANDBERG; MORITZ, 2011; NADEAU et al., 2011; STAVANG et al., 2005; ZHAO et al., 2011).

A biossíntese de GA é iniciada pela ciclagem de um composto de 20 átomos de carbono, o Geranil-Geranil-Difosfato (GGPP), o qual sofre uma reação de ciclização para formar o *ent*-caureno (HEDDEN; PHILLIPS, 2000; RANGE, 1998). A conversão do *ent*-caureno em giberelina ocorre por uma série de reações oxidativas, sendo as enzimas

monooxigenases do citocromo P450, presentes no retículo endoplasmático, envolvidas na formação do intermediário GA₁₂ aldeído e as dioxigenases, presentes no citoplasma, responsáveis pela conversão deste precursor em GA₂₀ (HEDDEN; PHILLIPS, 2000; LANGE, 1998). Finalmente, a enzima GA 3 β-hidroxilase (GA_{3ox}) converte GA₂₀ em GA₁ ou GA₄ e ramificações destas vias podem formar GA₃ e GA₇, as quais são as quatro giberelinas consideradas ativas (HEDDEN; PHILLIPS, 2000; LANGE, 1998). Portanto, todas as giberelinas ativas possuem uma hidroxila na posição 3 da molécula devido a atividade da enzima GA_{3ox} (HEDDEN; PHILLIPS, 2000; LANGE, 1998).

Os níveis endógenos de giberelina ativa regulam sua própria síntese por ativar ou inibir a transcrição de genes para enzimas que participam da biossíntese ou inativação de giberelina. Uma das principais enzimas envolvidas na inativação de GA e no controle de seu nível endógeno é a GA₂ oxidase, a qual insere uma hidroxila na posição 2 do anel (OLSZEWSKI; SUN; GUBLER, 2002). Desse modo, todas as giberelinas com uma hidroxila na posição 2 são consideradas inativas (OLSZEWSKI; SUN; GUBLER, 2002).

As proteínas DELLA são os principais reguladores negativos da sinalização de GA e diversos estudos mostram que estas proteínas são um importante ponto de *crosstalk* com outras vias hormonais (ACHARD et al., 2009; HARBERD et al., 2009; NEMHAUSER et al., 2006). As proteínas DELLA restringem o crescimento dos órgãos, como folhas e raízes primárias, inicialmente pela redução das taxas de divisão e proliferação celular e, posteriormente, pela alteração da taxa de alongamento de células diferenciadas (ACHARD et al., 2009). O genoma de *A. thaliana* codifica cinco proteínas DELLA com alto grau de similaridade de sequência, incluindo as proteínas GA INSENSITIVE (GAI) e REPRESSOR OF ga1-3 (RGA) (PENG et al., 1997; RICHARDS et al., 2001; SILVERSTONE et al., 1998).

A GA liga-se ao receptor solúvel GIBBERELLIN INSENSITIVE DWARF1 (GID1) e desencadeia a interação entre as proteínas DELLA e GID1 (GRIFFITHS et al., 2006; NAKAJIMA et al., 2006; UEGUCHI-TANAKA et al., 2005), a qual estimula a formação do complexo ubiquitina ligase SCF E3 através das proteínas F-box GID2/SLEEPY1. Assim, o complexo SCF E3 promove a ubiquitinação das proteínas DELLA, sinalizando-as para a degradação pelo proteossoma 26S (DILL et al., 2004; GRIFFITHS et al., 2006; HARBERD et al., 2009; HAUVERMALE; ARIIZUMI; STEBER, 2012; SASAKI et al., 2003). Com a degradação das proteínas DELLA, a ação da GA permite a derepressão dos fatores de transcrição do tipo GAMYB, ativando diversos genes responsivos a GA (RICHARDS et al., 2001).

Diversos estudos mostram que interações proteína-proteína têm um importante papel na função das proteínas DELLA. Estas proteínas ligam-se a vários fatores de transcrição e proteínas que afetam a transcrição de genes, incluindo PHYTOCHROME-INTERACTING FACTORs (PIFs), ALCATRAZ, MYC2, JASMONATE-ZIM-DOMAIN PROTEIN9, SCARECROW LIKE3 (SCL3), e os fatores de transcrição do tipo TCP (ARNAUD et al., 2010; DAVIÈRE et al., 2014; DE LUCAS et al., 2008; FENG et al., 2008; GALLEGÓ-BARTOLOMÉ et al., 2010; HONG et al., 2012; HOU et al., 2010; YANG et al., 2012; ZHANG et al., 2011).

O retardador de crescimento vegetal PBZ (paclobutrazol) é um triazol composto, o qual é transportado tanto via xilema quanto floema após a sua aplicação (WITCHARD, 1997). Os triazóis são conhecidos por inibirem as enzimas monooxigenases do citocromo P450 (HEDDEN; GRAEBE, 1985). Efeitos morfológicos e anatômicos dos triazóis incluem redução da biossíntese de giberelina, do alongamento do caule e do comprimento do tricoma, o aumento do número de cloroplastos e do crescimento da raiz (DALZIEL; LAWRENCE, 1984; GAO; HOFSTRA; FLETCHER, 1988; RADEMACHER, 1991). Também foram relatadas alterações na proporção raiz / parte aérea, aumento da expansão radial do caule, além de efeitos bioquímicos como a desintoxicação de espécies reativas de oxigênio e o aumento do conteúdo de clorofila (DAVIS; CURRY; 1991; KRAUS; FLETCHER, 1994).

2.4 A importância do balanço hormonal para a organogênese *in vitro*

Desde o estabelecimento do primeiro protocolo em meio líquido de cultura de tecidos *in vitro* (WHITE, 1934), a descoberta do primeiro fitormônio, o ácido indol acético, uma auxina (KOCH et al., 1934) e a descoberta da cinetina, uma citocinina (MILLER et al., 1956), vários avanços foram realizados envolvendo o cultivo *in vitro* de células vegetais. Entre estes avanços, pode ser citada a descoberta da importância dos hormônios vegetais no controle da formação de um novo órgão (SKOOG; MILLER, 1957) e a aplicação prática desta técnica, que trouxe avanços na regeneração de diferentes tipos de explantes, inclusive para a obtenção de plantas transgênicas (TORRES; CALDAS; BUSO, 1998). A maioria dos protocolos para regeneração de plantas tem sido desenvolvida por meio de testes empíricos, variando-se principalmente a proporção das diversas classes hormonais incorporadas ao meio de cultura, sendo o balanço auxina/citocinina responsável pela formação de raízes ou gemas (SKOOG; MILLER, 1957). Segundo Skoog e Miller (1957), um balanço favorável a auxina levaria a

formação de raízes, enquanto um balanço favorável a citocinina levaria a formação de gemas e um balanço intermediário, a formação de calos em tabaco (*Nicotiana tabacum*).

Além da importância do balanço auxina / citocinina para a formação de órgãos, vários avanços foram feitos para compreender melhor o envolvimento desses hormônios nas etapas iniciais da organogênese em arábido. Evidências mostram que a divisão celular do periciclo, impulsiona por uma concentração máxima localizada de auxina, é essencial para a regeneração de gemas caulinares (CHE et al., 2007). Neste aspecto, a ausência do transporte e a baixa taxa de metabolização das auxinas sintéticas utilizadas na pré-incubação em CIM (ácido 2,4 diclorofenoxyacético – 2,4D e ácido naftaleno acético – NAA) tornam este meio muito eficiente para gerar múltiplos pontos de concentração máxima de auxina (MOTTE et al., 2014). Desta forma, os carreadores de efluxo de auxina PIN afetam negativamente a regeneração neste estágio, pois a inibição do transporte polar de auxina estimula a formação de calos na organogênese (PERNISOVÁ et al., 2009).

Após a fase de pré-incubação em CIM, a qual corresponde a fase de aquisição de competência em arábido (CHE et al., 2007), altos níveis de citocinina determinam a identidade dos meristemas das gemas caulinares formadas por meio do estabelecimento de um nicho de *stem cells* durante a fase de indução (GORDON et al., 2009). Para que isso aconteça, o primeiro pré-requisito é o transporte de citocinina de SIM para as células dos explantes que adquiriram competência (MOTTE et al., 2014). O balanço endógeno de citocinina também é importante, pois a superexpressão dos genes *IPTs* (*isopenteniltransferases*) torna o uso de citocininas nos meios de indução de gemas caulinares desnecessário e causa a formação espontânea de gemas caulinares em calos (KAKIMOTO, 2001; KUNKEL et al., 1999; SUN et al., 2003).

As auxinas também são importantes para a fase de indução de gemas caulinares através do *crosstalk* auxina-citocinina (SU et al., 2011). Um exemplo deste *crosstalk* é a regulação positiva de carreadores de efluxo de auxina PIN durante a incubação em SIM nos locais onde há aumento da expressão do receptor de citocinina *AHK4* (*ARABIDOPSIS HISTIDINE KINASE4*) durante a incubação em CIM (ATTA et al., 2009; GORDON et al., 2007; GORDON et al., 2009). Além disso, as citocininas induzem a biossíntese de auxina durante a formação de gemas caulinares, contribuindo para o estabelecimento de um gradiente de auxina (CHENG et al., 2013). Reciprocamente, as auxinas controlam os níveis de citocinina através da repressão da expressão do gene *STM*, o qual promove a biossíntese de citocinina (HEISLER et al., 2005; YANAI et al., 2005).

Mutantes para a biossíntese ou resposta aos hormônios auxina e citocinina auxiliaram na compreensão dos genes envolvidos em diferentes etapas das vias de biossíntese e sinalização destes hormônios. O aumento da expressão do gene *YUCCA* (*YUC*) em arabadopsis, o qual participa da via biossintética de auxina, causa um aumento da capacidade de regeneração, inclusive em protocolos sem a pré-incubação em CIM (ZHAO et al., 2013). Por outro lado, plantas de batata com aumento da concentração endógena de citocinina produzem apenas calos em protocolos convencionais de regeneração, necessitando da aplicação de uma anti-auxina (ácido 2,3,5-triodobenzóico - TIBA) para que a regeneração *in vitro* ocorra (PAL et al., 2012). Em tomateiro, a regulação negativa do gene *IAA9*, o qual faz parte de um grupo de proteínas que são reguladores transcripcionais e servem de mediadores de muitos aspectos das respostas das plantas à auxina, causa o aumento da sensibilidade a este hormônio e também interefere na dose mínima para a formação de raízes *in vitro* (WANG, 2005).

Com relação ao hormônio citocinina, a superexpressão dos genes *CKXs* (*CITOCININAS OXIDASES*), os quais degradam este hormônio, levam a desorganização do meristema caulinar e reduzem a capacidade de regeneração (YANG et al., 2003), sendo a atividade total das enzimas CKX a causa de genótipos recalcitrantes à regeneração *in vitro* (AUER et al., 1999; SRISKANDARAJAH et al., 2006). Com relação a sensibilidade à citocinina, o mutante *cre1* (*cytokinin response 1*) é uma mutação no receptor deste hormônio, e, embora tenha um desenvolvimento normal da parte aérea vegetal, apresenta falha na formação de gemas caulinares *in vitro* (INOUE et al., 2001). De forma oposta, o mutante *ire1* (*increased organ regeneration 1*) é supersensível à citocinina e possui alta capacidade de regeneração *in vitro*, mesmo em concentrações muito baixas deste hormônio (CARY et al., 2001).

Os genes *ARRs* (*ARABIDOPSIS RESPONSE REGULATOR*) são genes de resposta a citocinina (TO et al., 2004). Mutantes de perda de função nos *ARRs* do tipo B, os quais ativam as respostas a citocinina, reduzem a regeneração *in vitro* (ISHIDA et al., 2008; RASHOTTE et al., 2006). Por outro lado, a superexpressão deste grupo de genes causa a regeneração de gemas caulinares independente de citocinina (HWANG; SHEEN, 2001). Os *ARRs* do tipo A são reguladores negativos da via de sinalização de citocinina e, portanto, a superexpressão dos genes *ARR7* ou *ARR15* reduzem a capacidade de regeneração *in vitro* e a perda de função destes genes aumenta esta capacidade (BUECHEL et al., 2010; KIBA et al., 2003). O aumento da regeneração *in vitro* no mutante séptuplo de arabadopsis (*arr3, 4, 5, 6, 7, 8, 9*) é

ainda maior, e o desenvolvimento de calos é estimulado, indicando que a proliferação celular é reprimida por *ARRs* do tipo A (BUECHEL et al., 2010).

Além das auxinas e citocininas, outros hormônios vegetais também já foram relacionados com a capacidade de regeneração *in vitro*. O etileno é produzido durante a cultura de tecidos vegetais *in vitro* dentro de recipientes sem trocas gasosas até o limiar fisiológico, sendo o acúmulo deste gás associado com a baixa regeneração e a reduzida eficiência da transferência de genes (SEONG et al., 2005). Para limitar o efeito do etileno durante a regeneração *in vitro*, podem ser utilizados os métodos de troca gasosa forçada ou o uso de compostos químicos para inibir a síntese ou antagonistas ao etileno (ARIGITA et al., 2004; SHAH et al., 2014). Dentre os compostos químicos utilizados, o efeito de aminoetoxivinilglicina (AVG), um inibidor da síntese de etileno, é controverso, pois embora ele aumente a taxa de transformação genética via *Agrobacterium*, sua aplicação reduz a regeneração *in vitro* (EZURA et al., 2000; SEONG et al., 2005). Por outro lado, injúrias físicas e o etileno estimulam a proliferação de *stem cells* embriogênicas e a regeneração de plântulas em células semelhantes ao protocormos de orquídeas *Phalaenopsis* (HUANG et al., 2014).

Poucos trabalhos relacionaram as giberelinas com a regeneração *in vitro*. Estudos mostraram que a formação de gemas caulinares a partir de explantes radiculares em *Arabidopsis* é maior nos mutantes *gai* (*gibberellin-insensitive*) e *ga4* (níveis reduzidos da enzima GIBERELINA 3B-HIDROXILASE), quando comparados a cultivar controle ‘Landsberg erecta’ (EZURA; HARBERD, 1995). Além disso, a aplicação de giberelina reduz a taxa de regeneração no controle e no mutante *ga4* e a aplicação de paclobutrazol (PBZ) aumenta essa taxa em doses não-letais (EZURA; HARBERD, 1995). Os níveis endógenos de giberelina podem ser parcialmente responsáveis pela lenta taxa de crescimento e proliferação celular no centro quiscente (CQ) de tomateiro (BARLOW, 1992). A análise da aplicação exógena de GA₃ e de PBZ mostrou ainda que o CQ do mutante *gib-1* (*gibberellin deficiente 1*) tratado com GA₃ assemelha-se ao CQ do controle não tratado e que o CQ do mutante *gib-1* não tratado assemelha-se ao CQ do controle tratado com PBZ, formando um grupo com níveis normais de giberelinas e outro com reduzidos níveis deste hormônio (BARLOW et al., 1992). Em tomateiro, o mutante MT-*pro* (*procera*), o qual apresenta resposta constitutiva a giberelina, reduz a formação tanto de gemas caulinares quanto de raízes em explantes cotiledonares, mostrando um possível papel da giberelina na fase de aquisição de competência (LOMBARDI-CRESTANA et al., 2012).

2.5 Crosstalk entre os hormônios citocinina e giberelina

Diversos estudos mostram que os hormônios vegetais atuam em conjunto devido as diversas sobreposições de suas ações, as quais mostram que a ação hormonal depende muito mais de combinações hormonais específicas do que de suas atividades independentes (WEISS; ORI, 2007). Além disso, a descoberta dos mecanismos de biossíntese e sinalização dos hormônios vegetais contribuiu para a compreensão das interações hormonais (WEISS; ORI, 2007). Os hormônios vegetais citocinina e giberelina exibem efeitos antagonistas em diversos processos do desenvolvimento vegetal, embora ambos sejam considerados hormônios promotores do crescimento (WEISS; ORI, 2007). A interação destes hormônios em níveis de biossíntese, catabolismo e sinalização já foram elucidadas (BOLDUC; HAKE, 2009; GREENBOIM-WAINBERG et al., 2005; JASINSKI et al., 2005).

Através do uso de promotores tecido-específicos expressando os alelos *CKX1* e *gai* foi possível identificar a função dos hormônios citocinina e giberelina no desenvolvimento dos órgãos masculinos de arabadopsis e tabaco, pois plantas transgênicas expressando ambos os alelos causam macho esterilidade, sendo este fenótipo reversível pela aplicação de cinetina ou thidiazuron (TDZ) (HUANG, 2003). Também são observados efeitos antagônicos entre citocinina e giberelina, pois enquanto a giberelina inibe a diferenciação celular induzida por citocinina em culturas *in vitro* (FLICK et al., 1983), mutantes de arabadopsis com reduzidos níveis de giberelina ou defectivos na sinalização deste hormônio, apresentam um aumento na capacidade de formação de gemas caulinares a partir de explantes foliares *in vitro* (EZURA; HARBERD, 1995). Corroborando com este efeito antagônico, a aplicação de doses não tóxicas de paclobutrazol em explantes foliares de arabadopsis também aumenta a formação de gemas caulinares *in vitro* (EZURA; HARBERD, 1995).

Outro possível mecanismo de *crosstalk* entre as giberelinhas e citocininas é através dos fatores de transcrição KNOX tipo 1, os quais são responsáveis pela regulação dos meristemas (TRAAS; MONÉGER, 2010). Dentre os genes desta classe de fatores de transcrição, os genes *SHOOT MERISTEMLESS (STM)* and *BREVIPEDICELLUS (BP)* foram caracterizados como possíveis reguladores da biossíntese de citocinina (ORI et al., 1999). Além disso, estudos com os genes *KNOX* mostraram que a resposta constitutiva a giberelina somada à redução dos níveis de citocinina prejudicam as funções do meristema apical caulinar, sendo os genes *KNOX* responsáveis pela ativação das citocininas e repressão da biossintese de giberelina, simultaneamente, promovendo a atividade meristemática (JASINSKI et al., 2005).

Outro importante gene envolvido no *crosstalk* entre giberelina e citocinina é o gene *SPINDLY (SPY)*, o qual é um regulador negativo das respostas a giberelina (GREENBOIM-WAINBERG et al., 2005). Análises de mutantes com perda de função para este gene e aplicações endógenas de giberelina causaram a repressão de diversas respostas a citocinina, do desenvolvimento de plântulas a senescência (GREENBOIM-WAINBERG et al., 2005). Uma possível interação entre esses hormônios pode ocorrer por meio da modificação de elementos da via de transdução de citocinina pelo gene *SPY*, pois o mutante *spy-4* inibe a indução do gene de resposta primária a citocinina *ARR5* (GREENBOIM-WAINBERG et al., 2005). Com isso, além de *SPY* atuar como um repressor das respostas a giberelina, ele age como um regulador positivo da sinalização de citocinina, evidenciando os efeitos antagônicos entre estes dois hormônios vegetais (GREENBOIM-WAINBERG et al., 2005).

3 ANÁLISE DO TRANSCRIPTOMA (RNA-seq) ASSOCIADA À FASE DE AQUISIÇÃO DE COMPETÊNCIA ORGANOGENÉICA EM TOMATEIRO (*Solanum lycopersicum* L. cv MICRO-TOM)

3.1 Introdução

A divisão do processo da organogênese *in vitro* nas etapas de aquisição de competência, indução e determinação por Christianson e Warnick (1983; 1988) permitiu que estes postulassem que a não obtenção da regeneração de plantas *in vitro* seria atribuída, na maioria dos casos, à falha do explante em adquirir a competência necessária para a indução do processo. Esses mesmos autores postularam que não existe uma competência geral para a organogênese, sendo necessárias competências distintas para a formação de gemas caulinares e raízes (CHRISTIANSON; WARNICK, 1985). No entanto, estudos anatômicos clássicos (BONNETT JUNIOR; TORREY, 1966) e estudos de expressão gênica (ATTA et al., 2009; SUGIMOTO; JIAO; MEYEROWITZ, 2010) sugerem que a aquisição de competência segue uma via comum para formar diferentes órgãos.

Estudos recentes também evidenciaram que os tecidos capazes de regenerar novos órgãos geralmente têm populações de células pré-existentes com identidade semelhante às das células do periciclo (SUGIMOTO; GORDON; MEYEROWITZ, 2011; SUGIMOTO; JIAO; MEYEROWITZ, 2010). Tais células são equivalentes às células meristemáticas iniciais (células-tronco), as quais não são comprometidas com vias de desenvolvimento específicas (BAURLE; LAUX, 2003; LAUX, 2003). Deste modo, podem assumir vias de desenvolvimento distintas, indicando que as células mais competentes para formar gemas caulinares são também mais competentes para formar raízes. Assim, o conceito de competência identifica-se com o conceito de pluripotência, o qual é a capacidade de uma única célula vegetal dar origem a maioria dos tipos celulares, porém não todos (VERDEIL et al., 2007), e que pode ser definida como a capacidade para assumir vias de desenvolvimento distintas (LOMBARDI-CRESTANA et al., 2012).

A ideia de existir uma competência única para formar gemas caulinares e raízes é consistente com observações anteriores, as quais mostraram que meios de cultura com balanços hormonais diferentes podem ser utilizados nesta fase, sem que ocorra alteração dos órgãos formados (CHRISTIANSON; WARNICK, 1985). Portanto, os explantes podem adquirir a competência necessária para a formação de novos órgãos em meio indutor de raízes (RIM), de gemas caulinares (SIM) ou de calos (CIM), e em seguida induzirem a formação de gemas caulinares ao serem transferidos para SIM. Esta hipótese foi comprovada em tomateiro

ao utilizar RIM para a incubação inicial de explantes cotiledonares durante a fase de aquisição de competência, proporcionando um aumento da formação de gemas caulinares (PINO et al., 2010).

O alelo dominante *Rg1*, o qual está relacionado com a elevada capacidade de regeneração *in vitro* de *S. peruvianum* L (KOORNNEEF et al., 1987; LIMA et al., 2004), foi introgredido na planta modelo MT (PINO et al., 2010). Curiosamente, explantes vindos de cotilédones de plântulas mais velhas de MT-*Rg1* não reduziram sua capacidade de regeneração, como ocorre em MT (PINO et al., 2010). Esta observação sugere que MT-*Rg1* tem células pouco comprometidas com vias específicas, aumentando a regeneração a partir de explantes radiculares, hipocotiledonares e cotiledonares (KOORNNEEF et al., 1993; LIMA et al., 2004; LOMBARDI-CRESTANA et al., 2012).

Poucos estudos sobre a regeneração *in vitro* foram dirigidos à fase de aquisição de competência para tomateiro (ARIKITA et al., 2013; LOMBARDI-CRESTANA et al., 2012) e para arabadopsis (CARY et al., 2001; CHE et al., 2007; OZAWA et al., 1998; YASUTAMI et al., 1994). Entre os estudos de expressão gênica relacionados à organogênese (CHE et al., 2006; SANTOS et al., 2009), apenas um diferencia as fases de aquisição de competência e indução para as análises de expressão gênica (CHE et al., 2007). No presente trabalho, as linhagens quase isogênicas (NILs) MT e MT-*Rg1* foram utilizadas para definir o período da aquisição de competência em tomateiro, sendo esta informação posteriormente utilizada para identificar genes diferencialmente expressos por meio da análise dos perfis de transcriptomas (RNA-seq). Foram encontrados genes fortemente relacionados com a fase de aquisição de competência, os quais afetam a biossíntese de lignina ou estão relacionados com oncogenes humanos. Entre estes genes, o aumento da expressão de *CELL DIVISION CYCLE ASSOCIATED 7* e *LACCASE 1A* estão associados ao aumento das células em divisão dos elementos do protoxilema, os quais já foram relacionados aos eventos iniciais da organogênese *in vitro* de arabadopsis (ATTA et al., 2009).

3.2 Material e Métodos

3.2.1 Material vegetal e condições de cultivo em casa de vegetação

Os genótipos aqui utilizados foram a cultivar miniatura de tomateiro Micro-Tom (MT) e a linhagen quase isogênica a essa cultivar contendo o alelo *Rg1*, desenvolvida no Laboratório de Controle Hormonal do Desenvolvimento Vegetal do Departamento de Ciências Biológicas da ESALQ/USP (PINO et al., 2010).

Para o cultivo das plantas para a manutenção dos genótipos, suas sementes foram germinadas em vasos de 250 mL contendo uma mistura 1:1 (volume) de substrato comercial (Basaplant Hortaliças; Base Agro, Brasil) e vermiculita, suplementada com 1 g L⁻¹ de NPK 10:10:10 e 4 g L⁻¹ de calcário. Quando as plantas atingiram 15-20 dias, elas foram transplantadas individualmente para vasos de 150 mL contendo a mesma mistura de substrato. Frutos maduros foram coletados e a polpa juntamente com as sementes foram retiradas e mantidas em fermentação com levedura comercial (Femix, Brasil) durante 1 dia. Em seguida, as sementes foram lavadas em água corrente e secadas ao ar livre, sendo guardadas em envelopes de papel alumínio na geladeira para a conservação de sua viabilidade.

3.2.2 Cultivo *in vitro* dos genótipos

Para o cultivo *in vitro* foram utilizados os seguintes meios de cultura: MB (Meio Basal) composto por sais de MS (MURASHIGE; SKOOG, 1962), vitaminas B5 (GAMBORG; MILLER; OJIMA, 1968), 30 g L⁻¹ de sacarose e 7 g L⁻¹ de ágar; RIM (*Root Inducer Medium*) composto por MB suplementado com 0,4 µM de ANA (ácido naftaleno acético); SIM I (*Shoot Inducer Medium*) composto por MB suplementado com 5 µM de ZEA, e SIM II composto por MB suplementado com 5 µM de BAP. Foram utilizadas soluções estoques de 5 mM de ZEA (0,0548 g em 10 mL de água), 5 mM de BAP (0,0563 g em 10 mL de água) e 0,4 mM de ANA (0,0037 g dissolvidos em 50 mL de água). Para o preparo das soluções estoque, ZEA e BAP foram inicialmente dissolvidos com o auxílio de gotas de 1 M HCl, enquanto ANA foi dissolvido com gotas de 1 M KOH. Os hormônios foram filtrados em filtro tipo Millipore (0,2 µm de diâmetro), e adicionados aos meios de cultura após a autoclavagem. O meio de cultura foi vertido em placas de Petri, sendo utilizados 30 mL de meio por placa.

As plântulas utilizadas para os testes de regeneração *in vitro* foram obtidas por meio de germinação de sementes *in vitro* em frascos contendo MB com a metade da concentração dos nutrientes e 7 g L⁻¹ de ágar, permanecendo 4 dias no escuro e depois transferidas para uma condição de 16 h de fotoperíodo, 50 µmol fotons m⁻² s⁻¹ e temperatura de 25 ± 1 °C por mais 4 dias. Os explantes foram obtidos a partir de cotilédones, sendo cortadas as porções distais e proximais dividindo-os transversalmente em dois explantes. Desta forma, foram obtidos 4 explantes cotiledonares por plântula.

3.2.2.1 Tempo de indução de raízes

Buscando-se avaliar diferenças no tempo de indução de raízes entre MT e MT-*Rg1*, explantes cotiledonares foram inicialmente incubados em RIM, sendo transferidos após 12, 24, 36, 48 ou 60 h para MB e avaliados quanto a formação de raízes aos 10 dias após a incubação inicial. Desta forma, foi possível determinar o tempo mínimo necessário para que os explantes permanecessem em RIM e conseguissem formar raízes, tanto em MT, quanto em MT-*Rg1*.

3.2.2.2 Validação da expressão de genes identificados pelo RNA-seq

Para validar genes diferencialmente expressos entre MT e MT-*Rg1* identificados pela análise do transcriptoma de ambos os genótipos, e avaliar uma série temporal (*time course*) contendo os dias necessários para a aquisição de competência em RIM e a indução de gemas caulinares em SIM, foi analisada a expressão gênica por RT-qPCR. Para tanto, amostras de explantes cotiledonares de MT e MT-*Rg1* incubados em RIM foram coletados após 0, 12, 24, 36, ou 48 h, e amostras de explantes cotiledonares incubados em SIM I foram coletados após 0, 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7 dias para a análise de expressão gênica.

3.2.2.3 Análises Histológicas

Buscando-se identificar diferenças estruturais entre os cotilédones de MT e MT-*Rg1* e analisar modificações em explantes incubados ou não em SIM II, foram feitos cortes anatômicos permanentes. Os explantes utilizados para as análises anatômicas foram incubados em SIM II por 0 ou 4 dias e coletados para a fixação em solução de Karnovsky (MORRIS, 1965). As análises anatômicas foram feitas em SIM II ao invés de SIM I porque outros trabalhos envolvendo o tempo de aquisição de competência de tomateiro demonstraram que não há diferenças no tempo de indução de gemas caulinares entre os hormônios ZEA e BAP.

3.2.3 Análise dos perfis transcripcionais obtidos por RNA-Seq pela plataforma SOLiD 3

Em ensaio conduzido anteriormente (AZEVEDO, 2012), amostras de explantes cotiledonares de MT e MT-*Rg1*, incubados em RIM por 24 h (período no qual ambos os genótipos estão na fase de aquisição de competência) tiveram seu RNA extraído para a obtenção de uma biblioteca do transcriptoma de ambos os genótipos (Kit Applied Biosystems). Esse transcriptoma foi analisado pela plataforma SOLiD 3 e os dados obtidos foram analisados de acordo com o banco de dados SOL GENOMICS NETWORK (<http://solgenomics.net/>) em 2009. Esses dados dos perfis transcripcionais obtidos

previamente por RNA-Seq através da plataforma SOLiD3 (AZEVEDO, 2012) foram reanalisados agora devido a liberação de novas informações genômicas baseadas na finalização do sequenciamento do genoma de tomateiro (THE TOMATO GENOME CONSORTIUM, 2012).

As análises de qualidade das sequências, os mapeamentos e as estatísticas foram realizadas utilizando-se o programa “CLC Genomics Workbench 4.0.3” (CLC bio A/S, Aarhus N, Dinamarca), com os parâmetros para o mapeamento mantidos (AZEVEDO, 2012). Sequências com menos de 100% de acurácia foram retiradas das análises. Os valores de expressão foram calculados como RPKM, um índice que normaliza o número de *reads* mapeados pelo tamanho da sequência do unigene, e transformados em raiz quadrada, de modo a diminuir o efeito de amostras individuais que estivessem muito fora da média, de acordo com os parâmetros do programa “CLC Genomics Workbench 4.0.3”. Foram realizados os testes que verificam a correlação entre as réplicas técnicas das diversas amostras: Box Plot, PCA (*Principal Component Analysis*) e HCA (*Hierarchical Clustering Analysis*). Para a análise estatística foi aplicado o teste *t*, com os parâmetros *pairwise comparison of groups*, *multi-groups experiment* e *comparison = Against reference WT*. Foi aplicada a correção de Bonferroni sobre o resultado.

3.2.4 Desenho dos iniciadores

Para validar os 20 genes diferencialmente expressos entre MT e MT-*Rg1* obtidos pela análise do transcriptoma, foi avaliadaa expressão gênica em uma série temporal (*time course*) contendo os períodos necessários para a aquisição de competência em RIM e a indução de gemas caulinares em SIM por RT-qPCR. Para isso, os iniciadores para os 20 genes (Tabela 1) foram desenhados empregando o programa *on-line* *Primer3web* (<http://primer3.ut.ee/>) e ajustado com parâmetros padrões: o tamanho do iniciador entre 18 e 22 pb (ótimo a 20 pb), a temperatura de anelamento entre 59 e 61°C (ótimo a 60°C) e o conteúdo GC% entre 40 e 60% (ótimo a 50%). O tamanho do fragmento a ser amplificado variou de 50 a 150 pb. Dentre os pares de iniciadores obtidos para cada gene de interesse, selecionou-se aquele com melhores características segundo o programa *on-line* *NetPrimer* (<http://www.premierbiosoft.com/netprimer>), levando-se em conta a estabilidade e eventual ocorrência de pareamento indesejável; como a formação de alças (*hairpins*), dímeros do mesmo iniciador (*primer dimers*) e entre o par de iniciadores (*cross dimers*).

Tabela 1 - Iniciadores utilizados para as análises de RT-qPCR. O aceso do SGN representa o número de acesso encontrado no site do SOL GENOMICS NETWORK (<https://solgenomics.net/>). Os genes *PPA2A* e *UBIQUITINA* foram utilizados como genes de referência para o controle interno das reações. O gene *TUBULINA* foi utilizada para o teste de amplificação do cDNA e os demais genes tiveram a sua expressão comparada entre MT e MT-*Rg1*

Iniciador	Sequência	Acesso do SGN
<i>LACCASE 1A</i>	TGTCCCTCTTGGCTTTGCT GGCTTGCTTGAACATAGACGA	Solyc10g085090
<i>AUXIN-INDUCED SAUR-LIKE PROTEIN</i>	CACGCTTGTCATTCCATT GGACATTTCAAGAGTTGCCTA	Solyc11g011630
<i>MYB FAMILY TRANSCRIPTION FACTOR (MYB1)</i>	GACTGAAGAGGAACATCGTTATT TCTCCAATGCCCTTACCAA	Solyc06g034030
<i>CELL DIVISION CYCLE ASSOCIATED 7</i>	TGTGCCTAAAGAACCGAAAGA TATCATCAACCCCTCACTGC	Solyc03g118480
<i>ALCOHOL DEHYDROGENASE 2</i>	AATGCTGAAGGGAGAAGG ACCAAACACGAAAGGGAAAA	Solyc06g059740
<i>UDP GLUCOSYLTRANSFERASE</i>	ATTGACCCAAGCAAATACG TATCCCCACCATCCTCATTC	Solyc03g071850
<i>PECTINESTERASE INHIBITOR</i>	ATCGGGAGAAACAAATACGG CACTTGAACGGCTTGATAATGA	Solyc03g083730
<i>NAC DOMAIN PROTEIN</i>	CCAAGTGAGGCTGATGATGA CAACCTTAGATGGGGAAATG	Solyc02g081270
<i>METHYL JASMONATE ESTERASE</i>	AACAATAATCCACCAGATGAGG GTGAAATCATAACAAGACAAGAAC	Solyc03g044800
<i>SCARECROW-LIKE 1 TRANSCRIPTION FACTOR</i>	GAGTGGTCGGAAACAATAAGAA GGAGAAGATACTGGCGGAGA	Solyc06g036170
<i>FARNESYL PYROPHOSPHATE SYNTHASE</i>	GAGGCAGAAGTAGGAGACAAAA CCCCAAGAAGATAACGGAACA	Solyc10g005840
<i>MYB-RELATED TRANSCRIPTION FACTOR (MYB2)</i>	GCACCTAACTCACCACAACTT CTGCCAGAAACTCTCATCG	Solyc06g053610
<i>THIOREDOXIN-INDEPENDENT 5'-ADENYLYLSULPHATE REDUCTASE</i>	ACAAAAACCCAGAAAGCAAATC GCCGAAGAACTGAAAGCCAAA	Solyc03g031620
<i>DIACYLGLYCEROL KINASE PLANT</i>	GGTCAATGAAGAACGGAGGA TAAACGAAAGGCGAGCAAAT	Solyc07g054830

continua

conclusão

<i>ABC TRANSPORTER G FAMILY MEMBER 28</i>	GTCCCCTGATGACGATGATT TCCAAACTGAAAGATTCCGAAC	Solyc04g025170
<i>PHOSPHOADENOSINE PHOSPHOSULFATE REDUCTASE</i>	CTGATGGAAGGCTGGAAAGA CCCACACTGGAGCAGAGAAC	Solyc10g083960
<i>TREHALOSE 6-PHOSPHATE PHOSPHATASE</i>	CAAGTGATGTTCTCCCGATT GAGTAAGATGCCATTGTGTCC	Solyc03g007290
<i>CYTOCHROME P450</i>	TCTGCTAAAAAGGAAATGGA CGATGCTAGGAACACAAAACG	Solyc10g083700
<i>ALPHA-AMYLASE</i>	CCCTTCGGACAAAGTTATGC AAGCCCCAATCAAAGAAATG	Solyc03g095710
<i>CRABS CLAW</i>	AAGCAGGAGGAACCAATCAA GAAGGAGGTGGAGGAGGAAG	Solyc08g079100
<i>PPA2A</i>	CGATGTGTGATCTCCTATGGTC AAGCTGATGGGCTCTAGAAATC	Solyc05g006590
<i>UBIQUITINA</i>	GGACGGACGTACTCTAGCTGAT AGCTTTCGACCTCAAGGGTA	Solyc07g064130
<i>TUBULINA</i>	AACCTCCATTCAAGGAGATGTTT TCTGCTGTAGCATCCTGGTATT	Solyc04g081490

3.2.5 Extração de RNA

Para as análises por RT-qPCR, o RNA foi extraído através da adaptação do protocolo do reagente TRIZOL. Para isso, o material vegetal (cotilédones de plântulas ou explantes incubados em meio de cultura) foi moído em cadinho com nitrogênio líquido, sendo adicionado 1 mL de TRIZOL antes das amostras descongelarem. As amostras permaneceram por 5 min em temperatura ambiente e foram centrifugadas a 14.000 g por 15 min a 4 °C, sendo transferida a fase aquosa para um novo tubo. Foram adicionados 300 µL de clorofórmio/isoamílico (24:1) e o tubo foi agitado por 15 s e incubado em temperatura ambiente por 5 min, sendo centrifugado novamente a 14.000 g por 15 min a 4 °C. A fase superior foi transferida para um novo tubo e foram adicionados 500 µL de isopropanol e a solução foi agitada levemente para em seguida ser centrifugada a 14.000 g por 10 min a 4 °C. O *pellet* obtido foi lavado 1 vez com 1 mL de álcool 75% e os tubos foram centrifugados a 14.000 g por 6 min a 4 °C. Os tubos foram deixados na bancada por 2 h para secar os *pellets*, que foram em seguida ressuspensos em 20 µL de água DEPC autoclavada. O RNA obtido

foi quantificado em NanoDrop e uma alíquota foi utilizada para testar a integridade do RNA em gel de 1% agarose.

3.2.6 Análises por RT-qPCR

O RNA total das amostras foi tratado com DNase I (Turbo DNA Free – Ambion), de acordo com as instruções do fabricante. O RNA tratado com DNase foi empregado para a transcrição reversa utilizando-se todas as especificações do kit *RevertAid™ Premium Reverse Transcriptase* (Fermentas). Realizou-se reação de RT-PCR para a confirmação da eficiência da síntese dos cDNAs recém-sintetizados, utilizando o iniciador do gene da Tubulina (Tabela 1). A reação seguiu os seguintes parâmetros: 1 µL de cDNA na diluição 1:10 (v/v), 10x *Taq buffer* (Fermentas), 2 mM de MgCl₂, 0,2 mM de cada dNTPs, 0,2 µM de cada iniciador, 1 U da enzima *Taq* polimerase (Fermentas), totalizando 25 µL de reação. Os produtos amplificados foram visualizados em gel 1% agarose em tampão TAE e eletroforese a 3 V cm⁻¹.

As análises de amplificação quantitativa de transcritos reversos (RT-qPCR) foram realizadas em termociclador Applied Biosystems (7500 Real-Time PCR Systems), a partir de diluições do cDNA total derivado da transcrição reversa (RT) das amostras de RNA. As reações de amplificação foram realizadas no volume final de 15 µL utilizando-se 3 µL de cDNA na diluição 1:10 (v/v), 0,1 µM dos iniciadores gene-específicos, 7,5 µL de *SYBR® Green PCR Master Mix* (Life Technologies). As amplificações foram conduzidas em incubação inicial de 95 °C por 5 min e seguida de 45 ciclos de 95°C por 20 s, 60°C por 20 s e 72 °C por 40 s, com detecção do sinal da fluorescência ao final de cada etapa de extensão. Após o término dos ciclos de reações, foram determinadas as curvas de dissociação de cada produto amplificado entre 72 °C e 95 °C (curva de *melting*). Foram realizadas duas replicatas técnicas de cada uma das três réplicas biológicas extraídas e todos os experimentos incluíram controle negativo (água). A eficiência de amplificação de cada par de iniciadores foi determinada pelo programa LinRegPCR 2004.4 e a normalização da expressão dos genes de interesse foi determinada em Excel 2013 pelo método PFAFFL (2001).

3.2.7 Análises anatômicas

Para as análises de microscopia óptica de luz, cinco amostras de explantes cotiledonares, obtidos como descrito no item 3.2.2, foram coletados e fixados em solução de Karnovsky (MORRIS, 1965) por 24 h a 8° C. A desidratação foi realizada através de uma

série gradual de etanol 10-100%, seguida pela embebição em resina sintética 2-hidroxietil metacrilato (*Leica Historesin embedding kit*), de acordo com as recomendações do fabricante. Seções de 5 µm dos explantes cotiledonares foram obtidas em micrótomo rotativo, sendo coradas com solução 0,05% azul de toluidina em tampão fosfato e ácido cítrico, pH 4,5 (SAKAI, 1973). As lâminas foram preparadas com resina sintética permanente (EntellanTM) e a documentação dos resultados foi feita por meio da captura de imagens a partir das lâminas usando câmera de vídeo Leica DFC 310FX acoplada ao microscópio Leica DM LB.

3.3 Resultados e Discussão

3.3.1 *Rg1* reduz o tempo de indução de raízes *in vitro*

Visto que a presença do alelo *Rg1* proporciona maior capacidade de regeneração *in vitro* (KOORNNEEF; HANHART; MARTINELLI, 1987; LIMA et al., 2004; LOMBARDI, 2008), durante o meu mestrado (AZEVEDO, 2012) foram realizados experimentos para avaliar as fases de indução de gemas caulinares e aquisição de competência *in vitro* (AZEVEDO, 2012). Por meio da transferência sequencial dos explantes do meio SIM I para MB, foi inferido que são necessários pelo menos 6 dias em SIM para a indução de gemas caulinares nos explantes de MT e 5 dias para MT-*Rg1* (AZEVEDO, 2012). Como o tempo total de indução inclui o tempo de aquisição de competência e o processo de aquisição de competência precede a indução de raízes e gemas caulinares, os primeiros dias em SIM I foram substituídos gradativamente por RIM, dentro de um total de 8 dias, sendo os explantes posteriormente transferidos para MB até que se completasse um total de 21 dias (AZEVEDO, 2012). Com isso, foi possível verificar que os primeiros dois dias em SIM I representam a fase de aquisição de competência para MT, enquanto esta fase leva apenas um dia em MT-*Rg1* (AZEVEDO, 2012).

Como durante o mestrado foram identificados apenas os tempos necessários para aquisição de competência e para indução de gemas caulinares (AZEVEDO, 2012), para compreender melhor a indução de raízes em MT e MT-*Rg1* foi realizado agora um experimento para verificar o número de horas necessárias para a indução de raízes. Por meio da transferência sequencial dos explantes de RIM para MB (de 12 a 60 h), pode-se inferir que são necessárias entre 24 e 36 h em RIM para que ocorra a indução de raízes nos explantes cotiledonares de MT, e entre 12 e 24 h para MT-*Rg1* (Figura 1A-B), sendo que as diferenças entre as porcentagens de explantes com raízes e o número de raízes por explante foram estatisticamente significativas a partir de 36 e 48 h, respectivamente (Figura 1A-B). Com isso,

pode-se comprovar o efeito do alelo *Rg1* na indução de raízes (Figura 1) e de gemas caulinares (AZEVEDO, 2012), bem como na aquisição de competência (AZEVEDO, 2012), a qual é comum para ambos os órgãos.

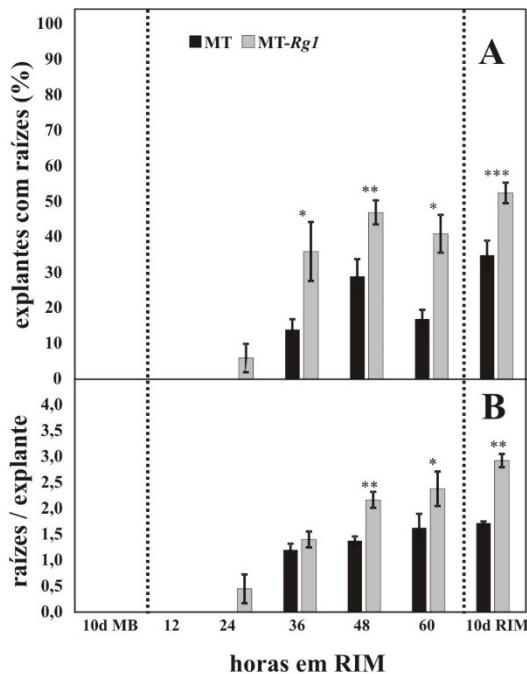


Figura 1 - Análise temporal em meio de RIM necessário para a indução de raízes (A) e número de raízes por explante (B) em MT e MT-*Rg1*. Após cada tratamento de indução em RIM, os explantes foram transferidos para MB onde permaneceram até o 10º dia, quando a avaliação foi realizada. Os tratamentos controle são representados por 10 d em MB ou RIM e estão separados dos demais tratamentos pelas linhas pontilhadas. Os explantes cotiledonares foram obtidos a partir de plântulas com 8 dias de idade. As barras de erro representam média ± SE ($n = 6$). Cada repetição consistiu em uma placa de Petri contendo 20 explantes cada. Os tratamentos com *, ** ou *** indicam diferenças significativas através do Teste de Duncan a 5%, 1% e 0,1% de probabilidade, respectivamente

3.3.2 A análise dos perfis transcripcionais indica novos genes envolvidos com a fase de aquisição de competência da organogênese *in vitro*

Através dos estudos de aquisição de competência envolvendo MT e MT-*Rg1* (AZEVEDO, 2012), foi possível identificar as fases chaves para a organogênese de gemas caulinares. Na sequencia, foi realizada uma análise de sequenciamento do transcriptoma (RNA-seq) com o intuito de identificar novos genes envolvidos com a aquisição de competência. Para tanto, foram utilizandos cotilédones de MT e MT-*Rg1* com 8 dias de idade incubados por 24 h em RIM, com o intuito de compararmos *reads* obtidos entre os dois genótipos para a análise da expressão relativa em MT-*Rg1* comparado a MT às 24 h de incubação (AZEVEDO, 2012). A primeira análise destes dados foi realizada quando o

genoma do tomateiro ainda não estava disponível, dificultando a busca dos genes diferencialmente expressos e limitando o acesso a informação. Com a conclusão do sequenciamento do genoma do tomateiro (THE TOMATO GENOME CONSORTIUM, 2012), foi possível refazer o mapeamento do transcriptoma sequenciado anteriormente (AZEVEDO, 2012), obtendo-se a anotação correta de todos os genes, bem como a posição cromossômica. Com isso, mais genes diferencialmente expressos foram identificados.

O conjunto de *reads* de alta qualidade gerado pelo sequenciamento feito durante o mestrado foi agora comparado com o banco de dados do *Sol Genomics Network*, utilizando-se as anotações genômicas de ITAG3 (THE TOMATO GENOME CONSORTIUM, 2012). Desta forma, os *reads* obtidos foram comparados às sequências dos 33.926 modelos-gênicos deste banco de dados. Em seguida, foi feita a normalização, tratamento estatístico e análise dos dados. Uma análise de componente principal PCA (*Principal Component Analysis*) do conjunto de dados obtidos demonstrou claramente que o padrão de agrupamento entre as amostras das quatro réplicas biológicas separou as amostras de MT das de MT-*Rg1* (Figura 2). Isto indica que os perfis de transcrição obtidos apresentaram uma diferença significativa entre as expressões dos genes para estes dois genótipos, mas não entre as réplicas biológicas. Para a análise estatística foi aplicado o teste *t*.

A análise global dos transcritos entre MT e MT-*Rg1* apresentou cerca de 30 mil transcritos obtidos a partir da comparação de sequência dos 33 mil genes de tomateiro, mostrando que alguns dos genes não foram expressos em explantes cotiledonares após 24 h em RIM. Dentre estes 30 mil transcritos, foram identificados cerca de 10 mil transcritos diferencialmente expressos (genes cuja a expressão relativa em MT-*Rg1* quando comparada a MT apresentava *fold change* \geq que 1,5 ou \leq que -1,5), sendo observados mais genes regulados negativamente do que positivamente para as amostras de MT-*Rg1* (Figura 3). Devido ao grande número de genes diferencialmente expressos, os parâmetros ‘número total de *reads* \geq 10, valor de $p \leq 0,005$ ’ e ‘*fold change* ≥ 2 e ≤ -2 ’ foram utilizados para selecionar os genes de interesse, por serem mais rigorosos que antes (pontos em vermelho na Figura 3). Com estes parâmetros, foi obtida uma lista com 1036 genes diferencialmente expressos (410 regulados positivamente e 626 regulados negativamente em MT-*Rg1* quando comparado a MT – Tabela S1). A partir desta lista, foram selecionados 20 genes (Tabela 2) para a análise da expressão por RT-qPCR.

Como entre os 1036 genes diferencialmente expressos entre MT e MT-*Rg1* não foram encontrados os genes homeóticos *WUSCHEL*, *CLAVATA* ou *KNOX* tipo 1, refutando assim a hipótese inicial do trabalho, foram então selecionados 20 genes relacionados ao metabolismo vegetal ou a alterações estruturais. Esta seleção foi realizada devido à impossibilidade de serem analisados 1032 genes por RT-qPCR e a descoberta de que genes relacionados ao metabolismo vegetal e a mudanças estruturais já foram relacionados à organogênese *in vitro* (SANTOS, 2009), mostrando mecanismos indiretos envolvidos com este processo. Cada um destes 20 genes e a justificativa pela escolha dos genes encontra-se descrita abaixo.

A análise por RT-qPCR foi realizada por dois motivos: primeiro, buscou-se comparar os dados de expressão obtidos pela análise do transcriptoma com os dados de RT-qPCR entre os mesmos tratamentos (cotilédones de MT e MT-*Rg1* após 24 h de cultivo em RIM) para a validação do resultado; além disso, também foi realizado um *time course* em RIM (0, 12, 24, 36 e 48 h), buscando-se avaliar a expressão de cada gene durante a fase de aquisição de competência entre MT e MT-*Rg1*, permitindo ver quais genes variam mais durante este *time course* e não apenas em um ponto específico da curva.

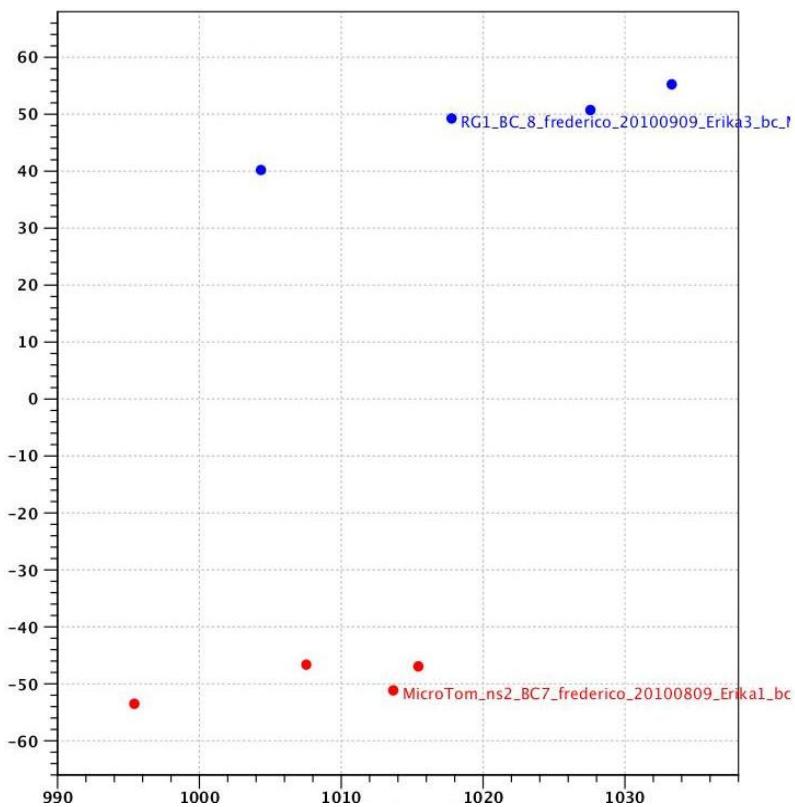


Figura 2 - Análise de componentes principais PCA (*Principal Component Analysis*) demonstrando claramente o padrão de agrupamento entre as amostras de quatro diferentes réplicas biológicas sequenciadas de MT (vermelho) e de MT-*Rg1* (azul), indicando a ausência de sobreposição entre amostras dos dois genótipos

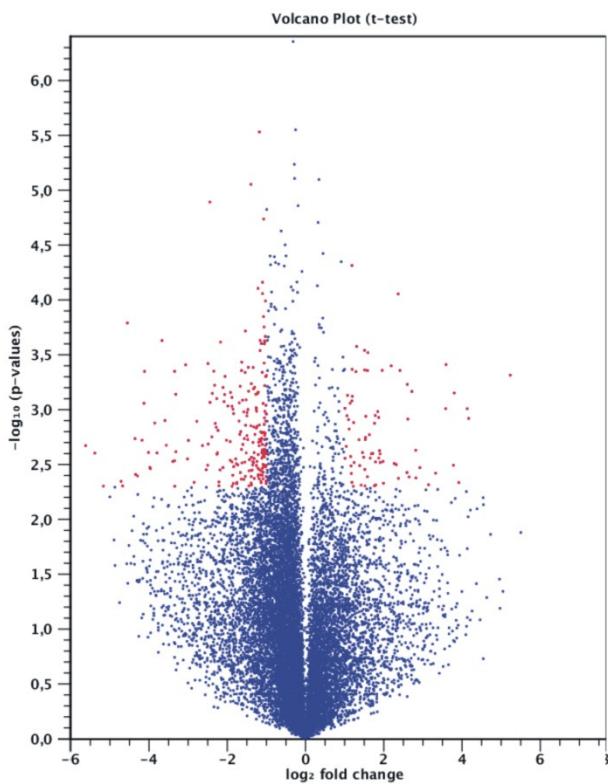


Figura 3 - Gráfico to tipo Vulcão de genes diferencialmente expressos (DE) entre MT-*Rg1* e MT. A análise foi realizada com explantes cotiledonares aos 8 dias de idade e incubados em RIM por 1 dia. Há mais genes regulados negativamente do que positivamente em MT-*Rg1*. Os genes com os parâmetros total de *reads* ≥ 10 ; valor de $p \leq 0,005$ e *fold change* ≥ 2 e ≤ -2 estão destacados em vermelho

Tabela 2 - Genes diferencialmente expressos entre MT-*Rg1* e MT por meio da análise por RNA-seq (plataforma SOLiD 3). A análise foi realizada utilizando-se explantes cotiledonares com 8 dias de idade incubados em RIM por 1 dia. Os parâmetros utilizados para a seleção dos genes foram número total de *reads* ≥ 10 , valor de $p \leq 0,005$ e *fold change* ≥ 2 e ≤ -2 . O *fold change* indica a expressão de MT-*Rg1* comparado a MT. “+ ∞ ” indica expressão apenas em MT-*Rg1*. O genes encontram-se listados na tabela do maior para o menor valor de *fold change*. O acesso do SGN representa o número de acesso encontrado no site do SOL GENOMICS NETWORK (<https://solgenomics.net/>)

Nome	Acesso do SGN	<i>Fold Change</i>
<i>LACCASE 1A</i>	Solyc10g085090	+ ∞
<i>AUXIN-INDUCED SAUR-LIKE PROTEIN</i>	Solyc11g011630	+ ∞
<i>MYB FAMILY TRANSCRIPTION FACTOR (MYB1)</i>	Solyc06g034030	+ ∞
<i>CELL DIVISION CYCLE ASSOCIATED 7</i>	Solyc03g118480	+ ∞
<i>ALCOHOL DEHYDROGENASE 2</i>	Solyc06g059740	39,27
<i>UDP GLUCOSYLTRANSFERASE</i>	Solyc03g071850	14,75
<i>PECTINESTERASE INHIBITOR</i>	Solyc03g083730	12,62
<i>NAC DOMAIN PROTEIN</i>	Solyc02g081270	7,27
<i>METHYL JASMONATE ESTERASE</i>	Solyc03g044800	5,18
<i>SCARECROW-LIKE 1 TRANSCRIPTION FACTOR</i>	Solyc06g036170	4,18
<i>FARNESYL PYROPHOSPHATE SYNTHASE</i>	Solyc10g005840	4,06
<i>MYB-RELATED TRANSCRIPTION FACTOR (MYB2)</i>	Solyc06g053610	3,9
<i>THIOREDOXIN INDEPENDENT 5-ADENYLYLSULPHATE REDUCTASE</i>	Solyc03g031620	-4,04
<i>DIACYLGLYCEROL KINASE PLANT</i>	Solyc07g054830	-4,15
<i>ABC TRANSPORTER G FAMILY MEMBER 28</i>	Solyc04g025170	-4,51
<i>PHOSPHOADENOSINE PHOSPHOSULFATE REDUCTASE</i>	Solyc10g083960	-4,94
<i>TREHALOSE 6-PHOSPHATE PHOSPHATASE</i>	Solyc03g007290	-4,99
<i>CYTOCHROME P450</i>	Solyc10g083700	-11,04
<i>ALPHA-AMYLASE</i>	Solyc03g095710	-16,82
<i>CRABS CLAW</i>	Solyc08g079100	-16,86

Dentre os 1036 genes obtidos pela restrição do *fold change* e valor de p , 11 genes (3 genes *PECTINESTERASE INHIBITOR*, 3 genes *LACCASE* e 5 *Peroxidase*) diferencialmente expressos (DE) são relacionados a alterações estruturais (Tabela S1). Por isso, os genes *LACCASE1A* (Solyc10g085090) e *PECTINESTERASE INHIBITOR* (*PECTINESTERASE INHIBITOR*) foram selecionados. As pectinas esterases são amplamente distribuídas entre as plantas superiores e convertem as pectinas metoxiladas em

pectinas de menor teor de metoxilação e ácido pectíco (PA), o qual é importante no amadurecimento e maciez de frutas e vegetais por modificar a parede celular (SHANMUGAVELU et al., 1992; VICENTE et al., 2007). As peroxidases estão envolvidas em muitos processos fisiológicos em plantas, além de respostas a estresse biótico e abiótico, modificações da parede celular e biossíntese de lignina (HIRAGA et al., 2001; PENEL; GASPAR; GREPPIN, 1992; PASSARDI; PENEL; DUNAND, 2004). Outro grupo de enzimas, as lacases, estão envolvidas com os processos de lignificação (BAO et al., 1993) e têm sido relacionadas à família de genes *KNOX* (MELE et al., 2003). Desta forma, pode-se verificar 3 importantes enzimas envolvidas com modificações da parede celular entre os genes DE. Desta forma, a alteração da expressão destes genes, poderia levar ao afrouxamento da parede celular e facilitar a divisão e expansão celular para que a regeneração seja mais eficiente em MT-*Rg1*.

Os genes DE *MYB FAMILY TRANSCRIPTION FACTOR* e *MYB-RELATED TRANSCRIPTION FACTOR* são associados a importantes fatores envolvidos com vias regulatórias controlando o desenvolvimento, metabolismo e respostas a estresse biótico e abiótico (DUBOS et al., 2010). Entre as vias de desenvolvimento nas quais os genes *MYB* atuam está a formação de tricomas, sendo a mutação de um gene *MYB* responsável pela ausência de formação de tricomas, devido a alterações das respostas das células precursoras de tricomas (OPPENHEIMER et al., 1991). Portanto, os genes *MYB* também estão envolvidos com o processo de determinação celular, como já descrito para tricomas de arábido (OPPENHEIMER et al., 1991), podendo atuar neste processo durante a organogênese *in vitro* de MT e MT-*Rg1*.

Outros genes DE estão associados com respostas hormonais, como *AUXIN-INDUCED SAUR-LIKE PROTEIN* (CHEN; HAO; CAO, 2014) and *METHYL JASMONATE ESTERASE*, o qual é também relacionado com a resposta a estresse biótico e abiótico (JANG et al., 2014). A influência das auxinas na organogênese *in vitro* tem sido muito estudada em todas as fases da organogênese *in vitro* (CHE et al., 2007; MOTTE et al., 2014; PERNISOVÁ et al., 2009). Além disso, alguns trabalhos tratam da importância do ácido jasmônico para a regeneração, mostrando que este hormônio retarda a formação de calos, inibe a rizogênese e promove a formação de gemas caulinares (GASPAR et al., 1996).

Genes que codificam proteínas com domínios YABBY (*CRABS CLAW*) e GRAS (*SCARECROW-LIKE 1 TRANSCRIPTION FACTOR*), os quais são responsáveis por muitos aspectos do desenvolvimento vegetal também foram encontrados entre os genes DE (SUN; JONES; RIKKERINK, 2012; YAMADA et al., 2011). Os genes *YAB* codificam

fatores de transcrição definidos pela presença dos domínios *YAB* e *zinc finger* (BOWMAN; SMYTH, 1999; BOWMAN, 2000). Dentre as subfamílias dos genes *YAB*, FIL, YAB2, YAB3 e YAB5 atuam na ativação dos processos de formação laminar, reprimindo o meristema apical (MAC) e formando o domínio marginal das folhas (SAROJAM et al., 2010). A análise da expressão do gene *Yabby-like* demonstrou que ser regulado negativamente em MT-*Rg1* (AZEVEDO, 2012), o que sugere que este gene é similar a CRC e, portanto, possui função similar a de outro *Yabby-like* encontrado em tomateiro, conhecido como o mutante *fasciated*, o qual possui a formação de múltiplos lóculos (CONG; BARRERO; TANKSLEY, 2008). Os genes da família GRAS atuam na manutenção da indeterminação do órgão (STUURMAN; JAGGI; KUHLEMEIER; 2002; ENGSTROM et al., 2011) e iniciação do meristema apical (SCHUMACHER et al., 1999; TONG et al., 2009), sendo fortes candidatos para estarem envolvidos com a manutenção de células não-comprometidas ou indiferenciadas em MT-*Rg1* devido apresentarem regulação positiva neste mutante (PINO et al., 2010).

Os genes *CYTOCHROME P450* e *NAC DOMAIN PROTEIN* foram selecionados para a validação da expressão gênica por RT-qPCR e para a análise do *time course*, pois já haviam sido relacionados a organogênese em arábido (CHE et al., 2006; MOTTE et al., 2014). Como MT-*Rg1* provavelmente apresenta um aumento na sua divisão celular (LOMBARDI-CRESTANA et al., 2010), o gene *CELL DIVISION CYCLE ASSOCIATED 7* poderia mediar esta resposta. Diversos compostos, como os hormônios auxina e citocinina são transportados dos meios de cultivo para os explantes durante a organogênese *in vitro* (ATTA et al., 2009; GORDON et al., 2007; GORDON et al., 2009). Por isso, alterações na expressão de genes relacionados ao transporte de moléculas através de membranas devem ser analisadas. O gene *ABC TRANSPORTER G FAMILY MEMBER 28* faz parte da família gênica de transportadores do tipo ABC, a qual codifica proteínas de membrana que participam diretamente do transporte de uma grande variedade de moléculas através de membranas (HIGGINS, 1992) e está regulado negativamente em MT-*Rg1*.

Os genes *DIACYLGLYCEROL KINASE PLANT*, *TREHALOSE 6-PHOSPHATE PHOSPHATASE* e *ALCOHOL DEHYDROGENASE 2* estão relacionados a respostas a estresse e foram encontradas 9 cópias destes 3 genes entre os 1032 genes selecionados pela restrição do *fold change* e valor de *p*. O gene *DIACYLGLYCEROL KINASE* está envolvido na biossíntese do ácido fosfatídico e atua em respostas a patógenos, estresse osmótico e estresse de temperatura (TESTERINK; MUNNIK, 2005). A Trealose serve como uma reserva de carboidratos e participa de uma grande variedade de respostas a estresse em diversos organismos (VAN LAERE, 1989; WIEMKEN, 1990; ELEUTHERIO; ARAUJO; PANEK,

1993). Diversas modificações ocorrem durante a regeneração de novos órgãos e as condições de cultivo são extremamente estressantes e distintas de condições naturais. Além disso, estudos mostraram que diversos genes relacionados a modificações estruturais e ao metabolismo secundário podem ter sua expressão alterada durante a organogênese *in vitro* (SANTOS et al., 2009).

A atividade da enzima álcool desidrogenase é considerada essencial para a sobrevivência de plantas durante condições anaeróbicas (JOHNSON; COBB; DREW, 1994) e sua expressão ocorre tanto na parte aérea quanto em raízes, dependendo das condições ambientais, sendo parcialmente relacionada a mecanismos envolvendo a transdução de sinal de Ca^{+2} (CHUNG, 1999). Os íons cálcio estão envolvidos na morfogênese *in vitro* e são necessários para muitas respostas induzidas por substâncias reguladoras do crescimento, principalmente as auxinas e citocininas (CAPITANI; ALTAMURA, 2004), tornando-se fortes candidatos para alterarem a taxa de regeneração de MT-*Rg1*.

Entre os genes que atuam na redução dos sulfatos assimilados estão *THIOREDOXIN-INDEPENDENT 5-ADENYLYLSULPHATE REDUCTASE* e *PHOSPHOADENOSINE PHOSPHOSULFATE REDUCTASE*, sendo o enxofre um elemento essencial, com muitas funções (CHIBANI et al., 2010; KOPRIVA et al., 2002). Como a organogênese *in vitro* necessita da divisão celular e da síntese de novas proteínas para a formação de uma nova planta, alterações no metabolismo do enxofre poderiam influenciar neste processo.

Diversos genes encontrados estão envolvidos com o metabolismo hormonal. O gene *FARNESYL PYROPHOSPHATE SYNTHASE* participa da biossíntese de terpenóides, os quais estão envolvidos com respostas a herbivoria, metabólitos secundários e hormônios vegetais (SALLAUD et al., 2009). Cerca de 19 e 6 genes foram encontrados representando os genes *UDP-GLUCOSYLTRANSFERASE* e *ALPHA-AMYLASE*, respectivamente, sendo estes genes também relacionados a hormônios vegetais. *UDP-GLUCOSYLTRANSFERASE* serve como mediador na transferência de resíduos de glicosil de açúcares ativados para moléculas aceitoras (agliconas), incluindo hormônios vegetais, metabólitos secundários e xenobióticos (VOGT; JONES, 2000). A enzima α -amilase tem um importante papel no metabolismo vegetal hidrolisando o amido de diversos tecidos vegetais, incluindo sementes germinando (AKAZAWA; MITSUI; HAYASHI, 1988; FINCHER, 1989) e sua expressão tem um rápido aumento após a aplicação de giberelina, sendo este efeito inibido pelo ácido abscísico (JACOBSEN; GUBLER; CHANDLER, 1995). Portanto, a análise de genes envolvidos em diferentes etapas da biossíntese e resposta hormonal podem ser novos genes chaves para a organogênese.

Análises de expressão gênica identificaram diversos fatores de transcrição do tipo homeobox atuando como moléculas importantes para a indução de gemas caulinares em arábido (CARY et al., 2002; CHE et al., 2006; GALLOIS et al., 2002). Outros trabalhos envolvendo a organogênese em arábido mostraram que a competência para a formação de gemas caulinares é adquirida durante a incubação em CIM, e muitos dos genes que são regulados positivamente em SIM, são reprimidos pela incubação em CIM (CHE et al., 2007). Os genes *ARR15* e *WUSCHEL* (*WUS*) foram propostos como importantes marcadores para a formação de calos verdes e gemas caulinares, respectivamente (CHE et al., 2007). Além disso, foi demonstrado que a pré-incubação em MB antes de CIM pode alterar a expressão dos genes *ARR15* e *WUS* na fase de aquisição de competência (CHE et al., 2007).

3.3.3 A análise dos genes diferencialmente expressos revela a importância dos genes *LACCASE 1A* e *CELL DIVISION CYCLE ASSOCIATED 7* para a organogênese *in vitro*

A análise por RT-qPCR foi realizada para comparar os dados de expressão obtidos pela análise do transcriptoma entre os mesmos tratamentos (cotilédones de MT e MT-*Rg1* após 24 h de cultivo em RIM) para a validação do resultado, e avaliar a expressão de cada gene durante a fase de aquisição de competência entre MT e MT-*Rg1* nos períodos 0, 12, 24, 36 e 48 h em RIM, permitindo ver quais genes variam mais durante este *time course* e não apenas em um ponto específico da curva. Desta forma, para analisar a expressão diferencial entre MT e MT-*Rg1*, detectada por comparação do transcriptoma, foram selecionados 20 genes (Tabela 2) de forma a identificar genes possivelmente associados a fase de aquisição de competência quando forem observadas diferenças de expressão entre MT e MT-*Rg1*. Esta seleção foi realizada devido à impossibilidade de serem analisados 1032 genes por RT-qPCR e a descoberta de que genes relacionados com o metabolismo vegetal e a mudanças estruturais já foram relacionados à organogênese *in vitro* (SANTOS, 2009), mostrando mecanismos indiretos envolvidos com este processo.

Foram realizados dois experimentos temporais (*time course*) com coletas dos genótipos MT e MT-*Rg1* ao longo do tempo: o primeiro compreende as primeiras 48 h dos explantes em RIM (0, 12, 24 e 48 h), o qual inclui o período de aquisição de competência tanto de MT (48 h), quanto de MT-*Rg1* (24 h); o segundo ensaio representa os 7 dias necessários para que tanto MT quanto MT-*Rg1* atinjam o tempo necessário para a indução de gemas caulinares (0, 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7 d), incluindo também os primeiros dias em SIM I (Figuras 4 e 5).

A expressão gênica foi estimada por quantificação relativa, a qual necessita além do gene de referência, uma amostra como referência, ou seja, como tratamento controle ou calibrador para a determinação da expressão (PFAFFL, 2001). Para isso, como controle interno da expressão foi estabelecido o C_Q obtido em MT 0 h (MT 0 h = MT 0 d). Os genes *PPA2A* (Solyc05g006590) e *UBIQUITIN* (Solyc07g064130) foram utilizados como genes de referência (Tabela 1). A expressão dos 20 genes (Tabela 1) foi avaliada em RIM (0, 12, 24, 36 e 48 h) para identificar aqueles genes presumivelmente relacionados à fase de aquisição de competência. A identificação foi feita por meio da diferença de expressão dos genes entre MT e MT-*Rg1* durante a fase de aquisição de competência (48 h de incubação em meio de cultivo).

Considerando-se o primeiro objetivo da análise de expressão gênica, foram considerados validados os genes que apresentaram regulação positiva ou negativa tanto para a técnica de RNA-seq, quanto para a técnica de RT-qPCR, sendo estes genes considerados como potencialmente associados a diferenças na fase de aquisição de competência (Tabela 3). Desta forma, os genes *AUXIN-INDUCED SAUR-LIKE PROTEIN*, *MYB FAMILY TRANSCRIPTION FACTOR (MYB1)*, *UDP GLUCOSYLTRANSFERASE*, *NAC DOMAIN PROTEIN*, *METHYL JASMONATE ESTERASE*, *THIOREDOXIN INDEPENDENT 5-ADENYLYLSULPHATE REDUCTASE*, *DIACYLGLYCEROL KINASE PLANT*, *PHOSPHOADENOSINE PHOSPHOSULFATE REDUCTASE*, *ALPHA-AMYLASE* e *CRABS CLAW* não foram validados, pois não apresentaram concordância entre os dados de expressão feitos pela análise do transcriptoma e por RT-qPCR (Tabela 3 e Figura 4). Esta diferença pode ter ocorrido devido a diferenças de sensibilidade entre as técnicas e a diferenças das condições experimentais.

Entre os demais genes, apenas os genes *LACCASE 1A*, *CELL DIVISION CYCLE ASSOCIATED 7*, *ABC TRANSPORTER G FAMILY MEMBER 28* e *CYTOCHROME P450* apresentaram um padrão de expressão relacionado a esta fase da organogênese, pois os dados obtidos por RNA-seq foram validados por RT-qPCR e apresentaram diferenças de expressão estatisticamente significativas entre os genes MT e MT-*Rg1* durante as 48 h em RIM, pelos dois métodos (Figuras 4 e 5). Por outro lado, os genes *ALCOHOL DEHYDROGENASE 2*, *PECTINESTERASE INHIBITOR*, *SCARECROW-LIKE 1 TRANSCRIPTION FACTOR*, *FARNESYL PYROPHOSPHATE SYNTHASE*, *MYB-RELATED TRANSCRIPTION FACTOR (MYB2)* e *TREHALOSE 6-PHOSPHATE PHOSPHATASE* não apresentaram diferenças significativas estatisticamente entre MT e MT-*Rg1*, apesar de terem a mesma regulação positiva ou negativa, sendo desta forma, excluídos do *time course*.

Tabela 3 - Comparação da expressão dos genes diferencialmente expressos entre MT-*Rg1* e MT através das técnicas de RNA-seq (plataforma SOLiD 3) e RT-qPCR. Assim, os dados de ambas as técnicas podem ser comparados para a escolha dos genes relacionados com a aquisição de competência. Os genes estão organizados por valor de *fold change*, do maior para o menor. Ambos os experimentos foram realizados utilizando-se explantes cotiledonares com 8 dias de idade incubados por 1 d em RIM. *Fold change* positivos indicam genes regulados positivamente em MT-*Rg1* e *Fold change* negativos indicam genes regulados negativamente em MT-*Rg1*. “+ ∞” indica expressão apenas em MT-*Rg1*. Nos dados de expressão por RT-qPCR, valores menores que 1 indicam genes regulados negativamente em MT-*Rg1* e valores maiores que 1 indicam genes regulados positivamente em MT-*Rg1*. MT a 0 h foi usado como normalizador para o experimento de RT-qPCR e o dado de expressão relativo apresentado foi obtido pela relação da expressão de MT-*Rg1* e MT (MT-*Rg1*/MT), para o tratamento de 24 h em RIM. O aceso do SGN representa o número de acesso encontrado no site do SOL GENOMICS NETWORK (<https://solgenomics.net/>)

Nome	Acesso do SGN	<i>Fold Change</i> (RNA-seq)	Expressão relativa (RT- qPCR)
LACCASE 1A	Solyc10g085090	+ ∞	1,34
AUXIN-INDUCED SAUR-LIKE PROTEIN	Solyc11g011630	+ ∞	0,58
MYB FAMILY TRANSCRIPTION FACTOR (MYB1)	Solyc06g034030	+ ∞	0,16
CELL DIVISION CYCLE ASSOCIATED 7	Solyc03g118480	+ ∞	1,18
ALCOHOL DEHYDROGENASE 2	Solyc06g059740	39,27	1,07
UDP GLUCOSYLTRANSFERASE	Solyc03g071850	14,75	0,70
PECTINESTERASE INHIBITOR	Solyc03g083730	12,62	1,25
NAC DOMAIN PROTEIN	Solyc02g081270	7,27	0,76
METHYL JASMONATE ESTERASE	Solyc03g044800	5,18	0,36
SCARECROW-LIKE 1 TRANSCRIPTION FACTOR	Solyc06g036170	4,18	1,30
FARNESYL PYROPHOSPHATE SYNTHASE	Solyc10g005840	4,06	1,20
MYB-RELATED TRANSCRIPTION FACTOR (MYB2)	Solyc06g053610	3,9	1,65
THIOREDOXIN INDEPENDENT 5-ADENYLYLSULPHATE REDUCTASE	Solyc03g031620	-4,04	1,21
DIACYLGLYCEROL KINASE PLANT	Solyc07g054830	-4,15	1,57
ABC TRANSPORTER G FAMILY MEMBER 28	Solyc04g025170	-4,51	0,73
PHOSPHOADENOSE PHOSPHOSULFATE REDUCTASE	Solyc10g083960	-4,94	1,24
TREHALOSE 6-PHOSPHATE PHOSPHATASE	Solyc03g007290	-4,99	0,76
CYTOCHROME P450	Solyc10g083700	-11,04	0,63
ALPHA-AMYLASE	Solyc03g095710	-16,82	2,05
CRABS CLAW	Solyc08g079100	-16,86	1,29

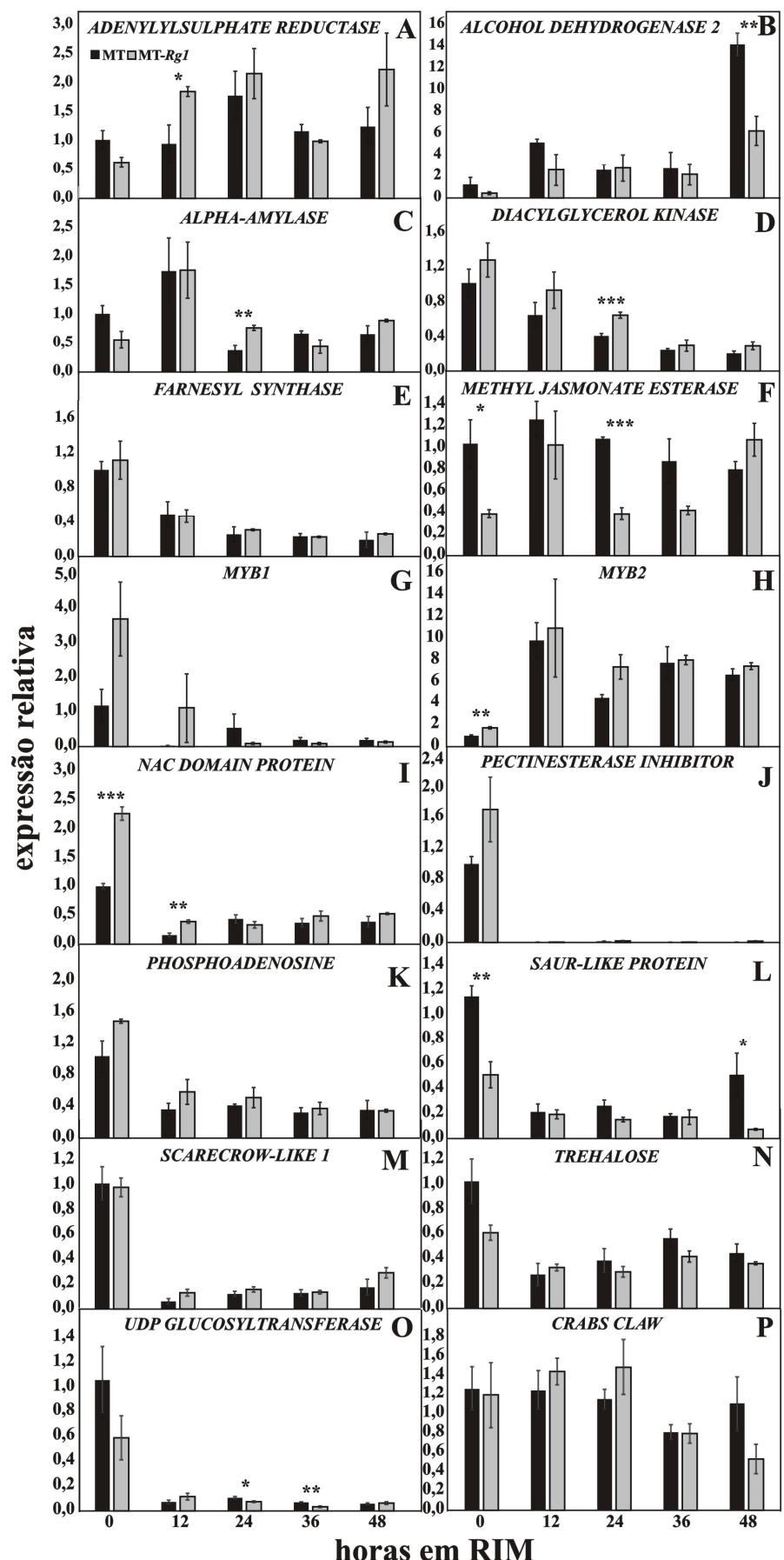
Após a seleção dos genes *LACCASE 1A*, *CELL DIVISION CYCLE ASSOCIATED 7*, *ABC TRANSPORTER G FAMILY MEMBER 28* e *CYTOCHROME P450* devido a validação da diferença de expressão dos mesmos por RT-qPCR, e as diferenças significativas da expressão entre MT e MT-*Rg1* durante o *time course* em RIM, a expressão destes 4 genes foi analisada durante um *time course* em SIM I (0, 1, 2, 3, 4, 5, 6 e 7 dias), tanto para MT quanto para MT-*Rg1*. Este *time course* foi realizado para observar se os padrões de expressão destes genes em MT e MT-*Rg1* eram semelhantes aos observados em RIM, durante a fase de aquisição de competência (2 primeiros dias em SIM I), além de analisar os padrões de expressão destes 4 genes durante a fase de indução de gemas caulinares (2 a 7 dias em SIM I) para ambos os genótipos.

A expressão do gene *ABC TRANSPORTER G FAMILY MEMBER 28* diminuiu em MT e em MT-*Rg1* nas primeiras 24 h tanto em RIM (Figura 5A) quanto em SIM I (Figura 5B). Esta modulação na expressão gênica parece ser necessária apenas para a fase de aquisição de competência (primeiras 24 h em SIM I), pois não há variação após o 2º dia em SIM I para MT-*Rg1* (Figura 5A-B). O gene *ABC TRANSPORTER G FAMILY MEMBER 28* é homólogo ao gene de arábido AT2G37010.1 - *ATNAPI2*. Alguns genes ABC da família G estão relacionados a atividades de transporte durante o 4º estágio de antese em arábido, além de serem expressos em flores, grãos de pólen e células do tubo polínico (VERRIER et al., 2008). Embora *NAP12* não tenha função conhecida, este gene parece estar envolvido com tecidos adultos (maduros) e relacionado ao desenvolvimento reprodutivo, sendo esperado que sua expressão esteja regulada negativamente durante a fase de aquisição de competência (SÁNCHEZ-FERNÁNDEZ et al., 2001).

Um padrão de expressão gênica semelhante é observado no gene *CYTOCHROME P450* (Solyc10g083700). Este gene apresenta expressão reduzida nos explantes de MT-*Rg1*, quando comparados aos explantes de MT, tanto para RIM quanto para SIM I, durante a fase de aquisição de competência, representada pelas primeiras 24 h em RIM ou em SIM I (Figura 5C-D). Esses dados de expressão gênica corroboram a análise do RNA-seq, pois os genes *ABC TRANSPORTER G FAMILY MEMBER 28* e *CYTOCHROME P450* estão regulados negativamente durante a fase de aquisição de competência comparando-se MT-*Rg1* com MT, avaliados por ambos os métodos de análise da expressão gênica (Tabela 1). O gene *CYTOCHROME P450* é homólogo ao gene de arábido AT1G33730.1 *CYP76C5*.

As enzimas do Citocromo P450 família 76 catalizam a reação 8-hidroxilação do geraniol em *Catharanthus roseus* (CYP76B6 - COLLU et al., 2001), *A. thaliana* (CYP76C4 – HÖFER et al., 2013) e *Swertia mussotii* (CYP76B10), a qual acumula o iridóide monoterpenóide *swertiamarin* (WANG et al., 2012). Iridóides são substâncias amplamente conhecidas em dicotiledôneas e são fortes candidatos para tratamentos terapêuticos contra o câncer (TUNDIS et al., 2008), um processo dependente da competência celular para submeter células continuamente ao processo de divisão.

Figura 4 - Expressão relativa de genes diferencialmente regulados entre MT e MT-*Rg1*. Expressão relativa dos genes *THIOREDOXIN-INDEPENDENT 5-ADENYLYLSULPHATE REDUCTASE* - Solyc03g031620 (A), *ALCOHOL DEHYDROGENASE 2* - Solyc06g059740 (B), *ALPHA-AMYLASE* - Solyc03g095710 (C), *DIACYLGLYCEROL KINASE PLANT* -Solyc07g054830 (D), *FARNESYL PYROPHOSPHATE SYNTHASE* - Solyc10g005840 (E), *METHYL JASMONATE ESTERASE* - Solyc03g044800 (F), *MYB FAMILY TRANSCRIPTION FACTOR (MYB1)* - Solyc06g034030 (G), *MYB-RELATED TRANSCRIPTION FACTOR (MYB2)* - Solyc06g053610 (H), *NAC DOMAIN PROTEIN* - Solyc02g081270 (I), *PECTINESTERASE INHIBITOR* - Solyc03g083730 (J), *PHOSPHOADENOSINE PHOSPHOSULFATE REDUCTASE* - Solyc10g083960 (K), *AUXIN-INDUCED SAUR-LIKE PROTEIN* - Solyc11g011630 (L), *SCARECROW-LIKE 1 TRANSCRIPTION FACTOR* - Solyc06g036170 (M), *TREHALOSE 6-PHOSPHATE PHOSPHATASE* - Solyc03g007290 (N), *UDP GLUCOSYLTRANSFERASE* - Solyc03g071850 (O), *CRABS CLAW* - Solyc08g079100 (P) em um *time course* em RIM. O número de horas indica o período no qual os explantes permaneceram nos respectivos meios. As 48 h em RIM (A-P) representam o tempo para a aquisição de competência em MT. Barras de Erro com *, ** e *** indicam diferenças significativas através do Teste de Duncan a 5%, 1% e 0,1% de probabilidade, respectivamente



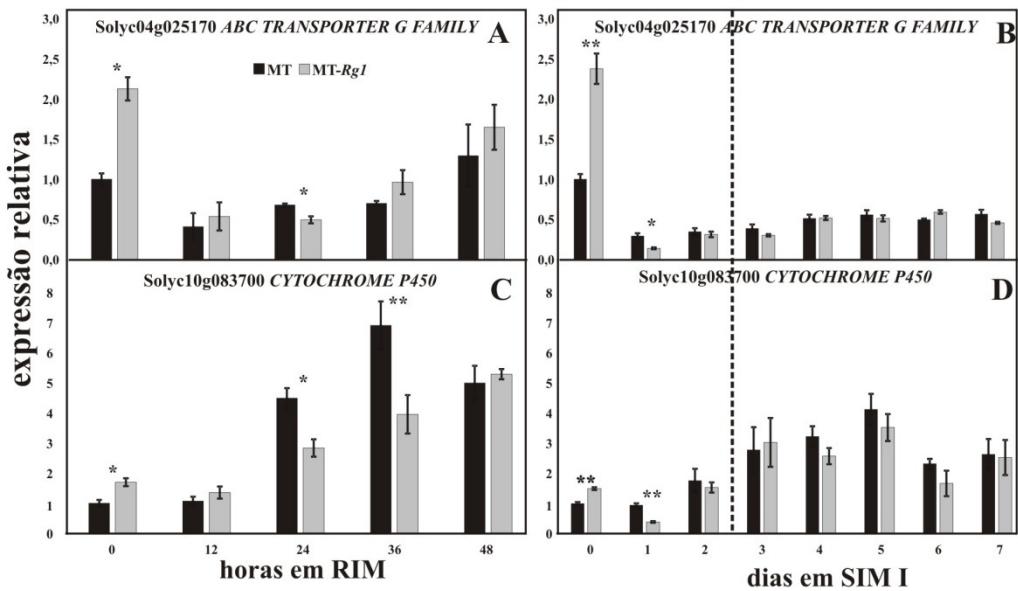


Figura 5 - Expressão relativa de genes regulados negativamente em MT-*Rg1* quando comparados a MT. Expressão relativa dos genes *ABC transporter G family member 28* (Solyc04g025170) (A e B) e *CYTOCHROME P450* (Solyc10g083700) (C e D) em um *time course* em RIM (A e C) e SIM I (B e D). O número de dias ou horas indica o período no qual os explantes permaneceram nos respectivos meios. As alterações da expressão gênica nas 48 h em RIM (A, C) e nos 2 primeiros dias em SIM I (B, D) devem ser analisadas comparativamente por representarem o tempo necessário para a aquisição de competência em MT e a transição da fase de aquisição de competência para a fase de indução em MT-*Rg1*. Barras de Erro com *, ** e *** indicam diferenças significativas através do Teste de Duncan a 5%, 1% e 0,1% de probabilidade, respectivamente

A expressão do gene *CELL DIVISION CYCLE ASSOCIATED 7* aumentou durante os 2 primeiros dias em MT-*Rg1*, tanto quando exposto a RIM (Figura 6A) quanto em SIM I (Figura 6B), sendo este aumento acentuado em SIM I e anterior em MT-*Rg1* (Figura 6B). Como a aquisição de competência em MT-*Rg1* ocorre ao menos 1 dia antes do que em MT (AZEVEDO, 2012), é esperado que o pico da expressão gênica de *CELL DIVISION CYCLE ASSOCIATED 7* ocorra anteriormente em MT-*Rg1*, pois as células competentes poderão dividir-se e formar novos órgãos. Em animais, o gene *CELL DIVISION CYCLE-ASSOCIATED 7 LIKE PROTEIN* (*CDCA7L*, *HR1*, *JPO2*, *RI*) age como um repressor da atividade da monoamina oxidase A (MAOA), que são enzimas degradadoras de monoaminas (dopamina, norepinefrina, epinefrina) e atua na regulação transcripcional, ligando-se ao promotor para inibir a expressão gênica (CHEN et al., 2011). Desta forma, o gene *CDCA7L* tem um importante papel como proto-oncogene, mediando a completa transformação de *C-MYC* (myelocytomatosis) em células de meduloblastoma de mamíferos (HUANG et al., 2005).

Outro gene que apresentou um aumento da expressão durante a fase de aquisição de competência foi *LACCASE 1A*, sendo este aumento mais acentuado em MT-*Rg1*, com o pico da expressão nos tratamentos 12 h em RIM e 2 dias em SIM I para MT-*Rg1* (Figura 6C-D). Embora em alguns tratamentos após a aquisição de competência haja uma diferença entre MT e MT-*Rg1* (Figura 6C-D), não há grandes variações nos níveis de expressão deste gene durante a fase de indução. Devido a este padrão de expressão, este gene parece estar intimamente relacionado com a fase de aquisição de competência e o aumento de sua expressão parece estar envolvido com a passagem da fase de aquisição de competência para a fase de indução. O gene *LACCASE 1A* é homólogo ao gene de arábido *AT2G38080.1 - LAC4*, o qual está relacionado a via de biossíntese de lignina. Análises recentes dos genes *LACCASE4* (*LAC4*), *LACCASE11* (*LAC11*) e *LACCASE17* (*LAC17*) de arábido mostraram que a perda de função destes genes leva a um efeito drástico na lignificação dos polos de metaxilema em caules de inflorescências (BERTHET et al., 2011; ZHAO et al., 2013). Além disso, análises do duplo mutante perda de função *lac4lac17* mostrou que as enzimas lacases são necessárias para a lignificação do protoxilema (SCHUETZ et al., 2014).

Membros da família gênica *KNOX* possuem um papel importante na manutenção dos meristemas (BYRNE; SIMOROWSKI; MARTIENSSEN, 2002; LONG et al., 1996; VOLLBRECHT; REISER; HAKE, 2000). O gene *BREVIPEDICELLUS* (*BP*), um dos 7 genes *KNOX* de arábido, possui uma função primária no padrão de formação dos internós (DOUGLAS et al., 2002; VENGLAT et al., 2002). Análises de diferenças de transcritos entre o mutante perda de função (*bp*) e o tipo selvagem (*BP*) por microarranjo (*Affymetrix oligonucleotide array*) mostraram um aumento da expressão de um grande número de genes envolvidos na biossíntese da parede celular, especialmente genes envolvidos na via de lignina (MELE et al., 2003). Além disso, há um aumento na deposição de lignina nos mutantes *bp* e redução da lignificação em plantas superexpressando o gene *BP*, pois *BP* liga-se aos promotores de alguns genes da via de biossíntese de lignina (MELE et al., 2003). Plantas superexpressando o gene *BP* também reprimem a divisão celular prematura, a qual é fundamental para a regulação da determinação (CHUCK; LINCOLN; HAKE, 1996). Entretanto, MT-*Rg1* tem maior expressão de *LACCASE1A*, indicando um efeito oposto na lignificação. Portanto, *CYTOCHROME P450*, *CELL DIVISION CYCLE ASSOCIATED 7* e *LACCASE 1A* podem interagir, alterando a taxa de divisão celular e a estrutura dos cotilédones.

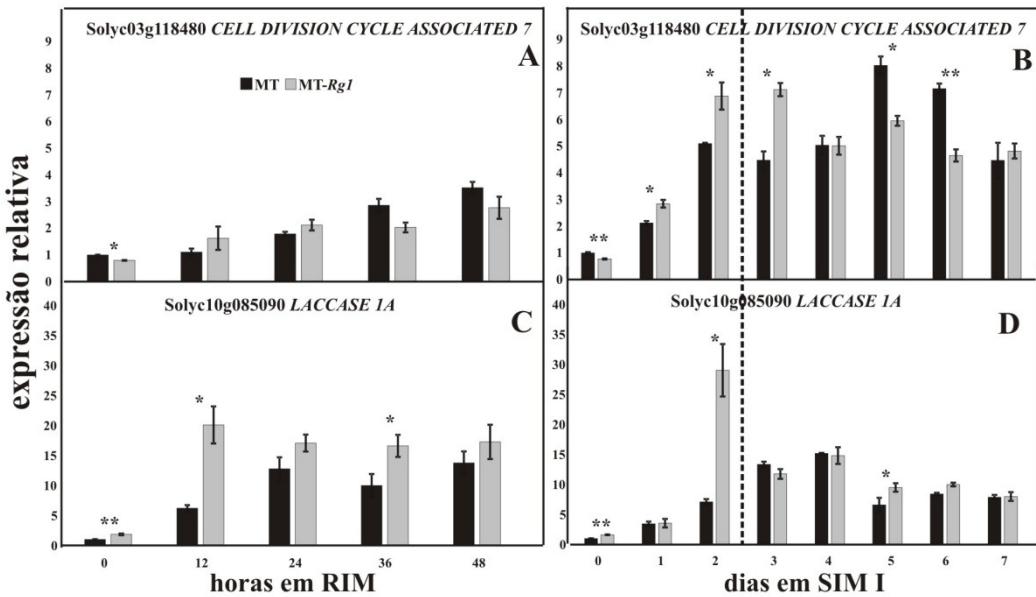


Figura 6 - Expressão relativa de genes regulados positivamente em MT-*RgI* quando comparados a MT. Expressão relativa dos genes *CELL DIVISION CYCLE ASSOCIATED 7* (*Solyc03g118480*) (A e B) e *LACCASE 1A* (*Solyc10g085090*) (C e D) em um *time course* em RIM (A e C) e SIM I (B e D). O número de dias ou horas indica o período no qual os explantes permaneceram nos respectivos meios. As alterações da expressão gênica nas 48 h em RIM (A, C) e nos 2 primeiros dias em SIM I (B, D) devem ser analisadas comparativamente por representarem o tempo necessário para a aquisição de competência em MT e a transição da fase de aquisição de competência para a fase de indução em MT-*RgI*. Barras de Erro com *, ** e *** indicam diferenças significativas através do Teste de Duncan a 5%, 1% e 0,1% de probabilidade, respectivamente

3.3.4 A análise dos cotilédones regenerantes revela que MT-*RgI* possui um número maior de células do protoxilema

A interação entre a via de biossíntese de lignina e genes chaves para a formação de meristemas, como a família de genes *KNOX* (CHUCK; LINCOLN; HAKE, 1996; MELE et al., 2003) já foi evidenciada (MELE et al., 2003). O mutante *BREVIPEDICELLUS* (*Bp*), que exibe a superexpressão de um gene *KNOX*, possui células que apresentam uma menor deposição de lignina (MELE et al., 2003). Desta forma, o mutante *Bp* poderia também ter um possível aumento da capacidade organogênica, como ocorre no mutante *Mouse ears* de tomateiro (LOMBARDI-CRESTANA et al., 2012). Porém, no caso de MT-*RgI*, o aumento da capacidade de regeneração leva a um aumento da expressão de *LACCASE 1A*, podendo causar aumento da lignificação dos cotilédones.

Para compreender as alterações morfológicas durante a fase de aquisição de competência e os primeiros dias da indução e identificar possíveis regiões lignificadas, foram feitas análises anatômicas utilizando-se dois tipos de explantes cotiledonares vindos de plântulas com 8 dias: explantes cotiledonares recém-obtidos, não incubados em meio de

cultura e explantes cotiledonares incubados por 4 dias em SIM II (Figura 7). Os cotilédones de MT-*Rg1* possuem uma camada maior de parênquima lacunoso (LOMBARDI-CRESTANA et al., 2012; Figura 7B). Após 4 dias de incubação em SIM II, um número elevado de células do protoxilema foi observado, principalmente em MT-*Rg1* (Figura 7C-E). Estudos anatômicos mostraram que em explantes regenerantes, as células do protoxilema formam polos, os quais dão origem às estruturas iniciais para a formação de gemas caulinares em arábido (ATTA et al., 2009). Portanto, o aumento da expressão do gene *CELL DIVISION CYCLE ASSOCIATED 7* poderia estar relacionado ao aumento do número de células em divisão em MT-*Rg1*, 4 dias após incubação em SIM II (Figura 7C-E). Além disso, como o gene de arábido *LAC4* é necessário para a lignificação dos elementos do protoxilema (SCHUETZ et al., 2014), e a ocorrência do aumento da expressão de seu homólogo em tomateiro, *LACCASE 1A*, poderia estar relacionado ao aumento do número de células do protoxilema (Figura 7E). Portanto, o aumento da expressão dos genes *CELL DIVISION CYCLE ASSOCIATED 7* e *LACCASE 1A* seria um efeito indireto da alta capacidade de regeneração *in vitro* de MT-*Rg1*, o qual modula diferencialmente vários genes.

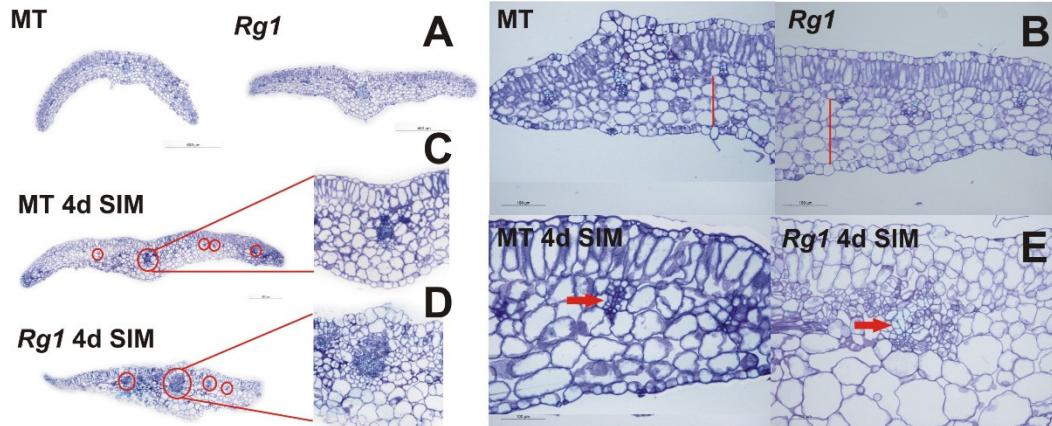


Figura 7 - Cortes transversais de explantes cotiledonares de MT e MT-*Rg1*. Visão geral dos explantes cotiledonares não incubados em meio de cultura (A) e após a incubação de 4 dias em SIM II para MT (C) e MT-*Rg1* (D). O terço médio dos explantes cotiledonares não incubados (B) e incubados por 4 dias em SIM II (E) é evidenciado. As linhas vermelhas indicam o parênquima lacunoso (B) e as setas vermelhas indicam o feixe vascular (E). Note a presença do feixe vascular principal e de parte do mesofilo, constituído por parênquima paliçádico e lacunoso nas superfícies adaxial e abaxial, respectivamente. Barra = 500 µm em A, C e D; Barra = 100 µm em B e E.

3.4 Conclusões

Com base nos resultados obtidos no item 3 desta tese, conclui-se que:

- ✓ A hipótese de que a identidade molecular do gene *RG1* estaria relacionada a um gene homeótico foi refutada, pois não foram observadas diferenças na expressão destes genes através da análise do transcriptoma de MT e MT-*Rg1*;
- ✓ O alelo *Rg1* reduz o tempo necessário para a indução de raízes, corroborando a ideia de que MT-*Rg1* reduz o período de indução de gemas caulinares por reduzir o período de aquisição de competência;
- ✓ *ABC TRANSPORTER G FAMILY MEMBER* e *CYTOCHROME P450* são genes regulados negativamente em MT-*Rg1*, enquanto *CELL DIVISION CYCLE ASSOCIATED 7* e *LACCASE 1A* estão regulados positivamente em MT-*Rg1* e a expressão de todos estão relacionados à fase de aquisição de competência;
- ✓ Cortes anatômicos revelaram que existem mais células do protoxilema em divisão em MT-*Rg1* do que em MT, a qual pode ser o resultado do aumento da expressão de *CELL DIVISION CYCLE ASSOCIATED 7* e *LACCASE 1A*;
- ✓ O aumento no número de células do protoxilema pode ser devido à formação de polos de protoxilema, os quais já foram relacionados ao início da organogênese em arábidopsis.

4 O MUTANTE DE TOMATEIRO *procera* CONTROLA A REGENERAÇÃO *IN VITRO* POR MEIO DE CROSSTALK ENTRE GIBERELINA E CITOCININA

4.1 Introdução

Desde os primeiros estudos de Skoog e Miller (1957), a importância do balanço hormonal para a organogênese *in vitro* tem sido evidenciada, no qual um balanço favorável para a auxina leva a formação de raízes e um balanço favorável para a citocinina leva a formação de gemas caulinares. Estudos recentes mostraram que a ocorrência de uma concentração máxima localizada de auxina durante a fase de aquisição de competência, a qual leva a divisão das células do periciclo, é essencial para a formação de gemas caulinares em arábido, sendo as auxinas sintéticas indutoras importantes deste processo (CHE et al., 2007; MOTTE et al., 2014). Além disso, altos níveis de citocinina determinam a identidade dos meristemas das gemas caulinares formados por meio do estabelecimento de um nicho de *stem cells* durante a fase de indução (GORDON et al., 2009). Portanto, durante a fase de indução de gemas caulinares é necessária à suplementação do meio de cultura com citocininas, para que esta seja transportada para que os explantes adquiriram competência (MOTTE et al., 2014).

O efeito de outros hormônios também tem sido estudado, como por exemplo, o etileno (EZURA et al., 2000; SEONG et al. 2005; HUANG et al., 2014). Porém, poucos estudos foram feitos sobre a influência da giberelina na regeneração (BARLOW et al., 1992; EZURA; HARBERD, 1995; LOMBARDI-CRESTANA et al., 2012). A giberelina pode ser parcialmente responsável pela lenta taxa de crescimento e proliferação celular no centro quísciente de tomateiro (BARLOW et al., 1992). Testes *in vitro* mostraram que reduções nos níveis de giberelina ou na sensibilidade a giberelina aumentam a formação de gemas caulinares a partir de explantes foliares (EZURA; HARBERD, 1995), enquanto respostas constitutivas a este hormônio diminuem a formação de gemas caulinares e raízes em explantes cotiledonares (LOMBARDI-CRESTANA et al., 2012). Aplicações exógenas de GA₃ ou o antagonista paclobutrazol (PBZ) reduzem ou aumentam, respectivamente, a formação de gemas caulinares a partir de explantes foliares (EZURA; HARBERD, 1995). Embora seja conhecida a interação entre os hormônios giberelina e citocinina em níveis de biossíntese, catabolismo e sinalização (BOLDUC; HAKE, 2009; GREENBOIM-WAINBERG et al., 2005; JASINSKI et al., 2005), não são conhecidos os mecanismos responsáveis por esta interação na organogênese *in vitro*.

Assim, o mutante MT-*pro* torna-se importante para compreender os mecanismos genéticos e hormonais responsáveis pela influência negativa da giberelina na organogênese *in vitro* (LOMBARDI-CRESTANA et al., 2012), pois ele apresenta resposta constitutiva à giberelina devido a uma mutação em uma proteína DELLA (JASINSKI et al., 2008). Desta forma, neste trabalho buscou-se elucidar novos mecanismos envolvidos com a organogênese *in vitro*, através de testes *in vitro*, ensaios histoquímicos utilizando os promotores responsivos aos hormônios auxina, citocinina e giberelina (*DR5*, *ARR5* e *GA_{2ox}*, respectivamente) ligados ao gene repórter *GUS* e a análise da expressão de genes relacionados ao controle da organogênese vegetal e a respostas hormonais, comparando o mutante MT-*pro* com MT. Com isso, pode-se sugerir um modelo no qual MT-*pro*, ou a resposta constitutiva à giberelina devido a uma mutação em uma proteína DELLA, atuam negativamente na fase de aquisição de competência por aumentar a expressão dos gene *WUSCHEL* e diminuir a de *CDCA7L*. Porém, esse modelo proposto permite apenas justificar a redução na formação de raízes, pois, a baixa formação de gemas caulinares pode também ser justificada pela queda na expressão do gene *TKn2* e no aumento da expressão do gene *CKX1a*, levando a uma baixa concentração das citocininas, responsáveis pela indução de gemas caulinares.

4.2 Material e Métodos

4.2.1 Material vegetal e condições de cultivo em casa de vegetação

Os genótipos utilizados neste trabalho foram a cultivar miniatura de tomateiro Micro-Tom (MT), linhagens quase isogênicas a essa cultivar contendo os alelos *gibberellin defective 3* (*gib-3*), *goblet 3* (*gob3*), *Goblet 4* (*Gob-4d*) e *procera* (*pro*), além de plantas transgênicas contendo as construções *ARR5::GUS*, *DR5::GUS* e *proGA2ox::GUS* (Tabela 4). Também foi utilizada a cultivar UC82B e a planta transgênica *UC82B-Atgai^{del}*. Os genótipos foram desenvolvidos no Laboratório de Controle Hormonal do Desenvolvimento Vegetal. Para o cultivo das plantas para a manutenção dos genótipos foram utilizadas as mesmas condições descritas no item 3.2.1.

Tabela 4 - Genótipos, cultivares, mutantes e plantas transgênicas utilizadas durante o trabalho

Genótipo	Efeito / Função	Referência
MT	Cultivar miniatura de tomateiro (<i>Solanum lycopersicum</i>)	CAMPOS et al. (2009)
MT- <i>gib3</i>	Baixa produção de GA. Defectivo na conversão de CDP a ent-careno	BENSEN; ZEEVAART, (1990)
MT- <i>gob-3</i>	Alelo de perda de função do gene <i>GOBLET</i>	BERGER et al. (2009)
MT- <i>Gob-4d</i>	Alelo de ganho de função do gene <i>GOBLET</i>	BERGER et al. (2009)
MT- <i>pro</i>	Resposta constitutiva a giberelina, devido à perda de função em uma proteína DELLA	JASINSKI et al. (2008)
MT- <i>ARR5::GUS</i>	Gene repórter <i>GUS</i> ligado ao promotor induzido por citocininas <i>ARR5</i>	D'AGOSTINO; DERUERE; KIEBER (2000)
MT- <i>DR5::GUS</i>	Gene repórter <i>GUS</i> ligado ao promotor sintético de resposta a auxina <i>DR5</i>	ULMASOV et al. (1997)
MT- <i>proGA_{2ox}::GUS</i>	Gene repórter <i>GUS</i> ligado ao promotor induzido por giberelinas <i>proGA_{2ox}</i>	Prof. Vagner Benedito
UC82B	Cultivar de tomateiro (<i>Solanum lycopersicum</i>)	Intersemillas S.A.
UC82B- <i>Atga1^{del}</i>	Alelo de ganho de função do gene DELLA	MARTI et al. (2007)

4.2.2 Cultivo *in vitro* dos genótipos

Para o cultivo *in vitro* foram utilizados os meios de cultura descritos no item 3.2.2 (MB, RIM, SIM I e SIM II). Foram testados meios de cultura compostos por MB suplementado com GA₃ ou PBZ, nas concentrações de 1, 5, 10, 50 e 100 µM. Os meios de cultura foram vertidos em placas de Petri, sendo utilizados 30 mL de meio por placa. Além das soluções estoque descritas no item 3.2.2, foram utilizadas soluções estoque de 5,78 mM de GA₃ (0,02 g em 10 mL de água) e 10 mM de PBZ (294 µL da solução comercial 340 mM e 9,706 mL de água). Para o preparo da solução estoque de GA₃, este hormônio foi inicialmente dissolvido com o auxílio de gotas de 1 M KOH. Os hormônios foram filtrados em filtro tipo Millipore (0,2 µm de diâmetro), e adicionados aos meios de cultura após a autoclavagem do mesmo. Os cotilédones utilizados para os experimentos também foram obtidos como descrito no item 3.2.2.

Para identificar o número de dias necessários para a indução de gemas caulinares em MT e MT-*pro*, explantes vindos de plântulas com 8 dias foram incubados inicialmente em SIM I por 0, 1, 2, 3, 4, 5 ,6, 7, 8, 9 e 21 dias, e transferidos sequencialmente para MB após este período, sendo avaliados quanto a formação de gemas caulinares após 21 dias. Para identificar o número de dias necessários para a indução de raízes em MT e MT-*pro*, explantes vindos de plântulas com 8 dias foram incubados inicialmente em RIM por 0, 12, 24, 36, 48, 60, 72 horas e 10 dias e transferidos sequencialmente para MB após este período, sendo avaliados quanto a formação de raízes após 10 dias.

Para a avaliação da diferença de regeneração na cultivar UC82B com a presença ou ausência do alelo *Atgai^{del}* foram utilizados explantes vindos de plântulas com 12 dias, pois a cultivar UC82B é conhecida pela alta taxa de regeneração (HAMZA; CHUPEAU, 1993) e que explantes cotiledonares de tomateiro reduzem a taxa de regeneração quando são obtidos a partir de plantas com 12 dias, ao invés de 8 dias (PINO et al., 2010). Os explantes foram incubados em RIM ou SIM II, por 10 ou 21 dias, respectivamente, buscando-se avaliar a formação de raízes e gemas caulinares, respectivamente.

O teste de regeneração com o mutante MT-*gib-3* utilizou explantes foliares. Para tanto, sementes de MT e MT-*gib-3* foram germinadas em frascos contendo a metade da concentração dos sais e de sacarose utilizados em MB, acrescido de 100 µM de GA₃, pois o mutante MT-*gib-3* necessita de giberelina para germinar. Os frascos permaneceram no escuro por 4 dias, e, após este período, as sementes que germinaram foram transferidas para meio MB contendo a metade da concentração dos nutrientes sem a suplementação de hormônios. Os explantes foliares foram obtidos 21 dias após a germinação, buscando-se reduzir o efeito da aplicação inicial de GA₃, pois a giberelina aplicada exogenamente não estava presente neste meio de cultura e, provavelmente, toda a giberelina aplicada no primeiro meio utilizado para a germinação das sementes já havia sido utilizada e degradada pelas plântulas. Para avaliar a formação de gemas caulinares e raízes, os explantes foram incubados em SIM II ou RIM por 21 ou 10 dias, respectivamente, sendo avaliados quanto a formação de gemas caulinares ou raízes, respectivamente.

Buscando-se identificar a influência da giberelina na fase de aquisição de competência, foram utilizados cotilédones de MT vindos de plântulas com 8 dias para a incubação inicial em MB acrescido das concentrações crescentes de GA₃ ou PBZ (1, 5, 10, 50, ou 100 µM), por dois dias. Os explantes do tratamento controle permaneceram 21 dias em SIM II. Após 2 dias de pré-cultivo, todos os explantes foram transferidos para SIM II, sendo avaliados quanto a formação de gemas caulinares após 21 dias.

Com o intuito de verificar se a aplicação de PBZ era capaz de reduzir o efeito da giberelinas em MT-*pro* e, desta forma, aumentar a taxa de regeneração neste mutante, foi realizado o pré-cultivo de explantes vindos de plântulas com 8 dias de MT e MT-*pro* em MB acrescido de concentrações crescentes de PBZ (1, 5, 10, 50, ou 100 µM), por 2 dias. Após este período de pré-cultivo em MB acrescido de PBZ, todos os explantes foram transferidos para SIM II, sem a adição de PBZ, sendo avaliados quanto a formação

de gemas caulinares após 19 dias da transferência. Os explantes dos tratamentos controle de MT e MT-*pro* permaneceram 21 dias em SIM II.

Para analisar a expressão relativa de genes relacionados com a organogênese *in vitro* (*WUSCHEL*, *CLAVATA*, *TKn2*, *GOBLET* e *CDCA7* - ATTA et al., 2009; CARY et al., 2002; CHE et al., 2007; GORDON et al., 2007; SUGIMOTO et al., 2010) ou com a biossíntese e degradação de citocinina (*IPT3/IPT5*, *IPT5*, *IPT9* e *CKX1a*) em MT e MT-*pro*, explantes cotiledonares vindos de plântulas com 8 dias foram incubados em SIM I, permanecendo no meio para a coleta dos explantes para extração de RNA segundo um *time course* de 0, 1, 2, 3, 4, 5 e 6 dias para o gene *CDCA7* e um *time course* de 0, 1, 2, 3 e 4 dias para os demais genes.

Buscando-se comparar os dados de expressão do gene *GOBLET* com os dados de regeneração *in vitro* dos mutantes MT-*Gob4d* e MT-*gob3*, foi realizado um teste de regeneração com estes 2 mutantes e MT. Para o teste, foram utilizados explantes cotiledonares vindos de plântulas com 8 dias, os quais foram incubados em RIM ou SIM II, permanecendo nos respectivos meios por 10 ou 21 dias para a avaliação de raízes e gemas caulinares. .

Para verificar se o pré-cultivo em RIM era capaz de aumentar a regeneração de MT-*pro*, explantes cotiledonares vindos de plântulas com 8 dias foram inicialmente incubados em RIM, sendo transferidos para SIM II após 2 dias de pré-cultivo e avaliados quanto a formação de gemas caulinares após 19 dias da transferência. Os explantes do tratamento controle permaceram 21 dias em SIM II.

Para avaliar o efeito conjunto dos hormônios GA₃ e BAP durante a regeneração *in vitro*, explantes cotiledonares vindos de plântulas de MT com 8 dias foram incubados em diferentes meios: SIM II, MB acrescido de 5 µM de BAP + 1 µM de GA₃, MB acrescido de 5 µM de BAP + 10 µM de GA₃ e MB acrescido de 50 µM de BAP + 1 µM de GA₃. Todos os tratamentos foram avaliados após 21 dias de cultivo.

Buscando-se identificar diferenças estruturais entre os cotilédones de MT e MT-*pro* e analisar modificações em explantes incubados ou não em SIM II, foram feitos cortes anatômicos permanentes. Os explantes utilizados para as análises anatômicas foram incubados em SIM II por 0 ou 4 dias e coletados para a fixação. As análises anatômicas foram feitas em amostras provenientes de SIM II ao invés de SIM I, porque outros trabalhos envolvendo o tempo de aquisição de competência de tomateiro demonstraram que não há diferenças no tempo de indução de gemas caulinares entre os hormônios ZEA e BAP.

Para analisar a regulação por auxina, citocinina ou giberelina, explantes cotiledonares vindos de plântulas com 8 dias de *DR5::GUS* e *ARR5::GUS* foram incubados em SIM II ou RIM, sendo coletados em um *time course* de 0, 1, 2, 4, 6, 12, 24, 36 e 48 horas.

No caso de *proProGa20ox::GUS*, os explantes cotiledonares descritos acima, incubados em SIM II ou RIM, foram coletados em *time course* de 0, 6, 12, 24, 36, 48 horas, 4, 6 e 8 dias ou 0, 6, 12, 24, 36 e 48 horas, respectivamente. Para analisar a sinalização por citocinina sob diferentes concentrações de GA₃, durante a regeneração *in vitro*, explantes cotiledonares vindos de plântulas com 8 dias de *ARR5::GUS* foram incubados em MB acrescido ou não de 5 µM BAP (SIM II), ou 1 µM GA₃, ou 10 µM PBZ, 1 µM BAP + GA₃, 10 µM BAP + GA₃ ou 50 µM BAP + GA₃, sendo coletados em um *time course* de 0, 6, 12, 24, 36 e 48 horas.

4.2.3 Desenho dos iniciadores, extração de RNA e análises por qRT-PCR

O desenho dos iniciadores (Tabelas 4 e 5) e a extração de RNA foram feitos como descritos nos itens 3.2.4 e 3.2.5, respectivamente. O RNA tratado com DNase foi preparado para a síntese e transcrito utilizando-se todas as especificações do kit *ImProm-II Reverser Transcriptase* (Promega). A PCR para a confirmação da eficiência da síntese do cDNA e a visualização em gel foram realizadas como descrito no item 3.2.6.

As reações de amplificação quantitativa de transcritos reversos (RT-qPCR) foram realizadas no volume final de 10 µL utilizando-se 2 µL de cDNA na diluição 1:10 (v/v), 0,2 µM dos iniciadores gene-específicos e 5 µL de *Platinum® SYBR® Green qPCR Super Mix-UDG* (Invitrogen). As amplificações foram conduzidas no termociclador centrífugo RotorGene 3000 (*Corbett Research*, Austrália) programado com incubações iniciais de 50 °C por 2 min e 95 °C por 2 min, seguidas de 45 ciclos de 95°C por 15 s, 60°C por 30 s e 72 °C por 40 s, com detecção do sinal da fluorescência ao final de cada etapa de extensão. Após o término dos ciclos de reações, foram determinadas as curvas de dissociação de cada produto amplificado entre 72 °C e 95 °C (curva de *melting*). O desenho amostral do experimento, a determinação da eficiência e normalização da expressão dos genes foi realizada como descrito no item 3.2.6.

Tabela 5 - Iniciadores utilizados para as análises de RT-qPCR de genes relacionados com a organogênese *in vitro* e genes de referência. Os genes *PPA2A* e *TUBULINA* foram utilizados como genes de referência para o controle interno das reações. Os demais genes tiveram sua expressão avaliada em MT e MT-*pro*. O aceso do SGN representa o número de acesso encontrado no site do SOL GENOMICS NETWORK (<https://solgenomics.net/>)

Iniciador	Sequência	Acesso do SGN	Referência
<i>WUSCHEL</i>	TGGAACTTGGCTATGGAGA AAAGGGTAAGTGCTGGAGAAG	Solyc02g083950	XU et al. (2015)
<i>CLAVATA3</i>	AAAGGAAGTTGCTCCTGTGAA CCTCTTAGCTCCCAATCAGC	Solyc11g071380	XU et al. (2015)
<i>TKn2</i>	TGGAGGGTGGTTCTAGTGGA TCATCATCATTGGAGGAGCA	Solyc02g081120	Gentilmente cedido pelo prof. Fábio Tebaldi
<i>GOBLET</i>	GGTTCTGGACTGCAACTTCAC CCATTTCGCTTCCCAGG	Solyc07g062840	BEN-GERA et al. (2012)
<i>CELL DIVISION CYCLE ASSOCIATED 7</i>	TGTGCCTAAAGAACGAAAGA TATCATCAACCCCTCACTGC	Solyc03g118480	AZEVEDO (2016)
<i>PPA2A</i>	CGATGTGTGATCTCCTATGGTC AAGCTGATGGGCTCTAGAAATC	Solyc05g006590	AZEVEDO (2016)
<i>TUBULINA</i>	AACCTCCATTCAAGGAGATGTT TCTGCTGTAGCATCCTGGTATT	Solyc04g081490	AZEVEDO (2016)

Tabela 6. Iniciadores utilizados para as análises de RT-qPCR de genes relacionados com a biossíntese e degradação de citocinina em MT e MT-*pro*. Como genes de referência, foram utilizados os genes *TUBULINA* e *PPA2A*, descritos na Tabela 5. O aceso do SGN representa o número de acesso encontrado no site do SOL GENOMICS NETWORK (<https://solgenomics.net/>).

Iniciador	Sequência	Acesso do SGN
<i>IPT3/IPT5 F</i>	TCAAATTCCGTGGACAGGCA	
<i>IPT3/IPT5 R</i>	AATCGCTCCTCTAGCATCCTC	Solyc09g064910
<i>IPT5 F</i>	GACTGTAGAGAACTGGGTCAA	
<i>IPT5 R</i>	TCCAAAGTGGTCAGAGATGC	Solyc11g066960
<i>IPT9 F</i>	CGAGAGATTGCTGCTGAAGT	
<i>IPT9 R</i>	GCATTCCAGTCCTCATCATTCT	Solyc12g014190
<i>CKX1a F</i>	GCTGACCTGTTCTATGGTGTACT	
<i>CKX1a R</i>	CAATCCTAGCCCTTGTGATGA	Solyc04g016430

4.2.4 Análises anatômicas e ensaio histoquímico com GUS

As análises anatômicas foram realizadas como descrito no item 3.2.7. Foram utilizados os genótipos *MT-DR5::GUS*, *pro-DR5::GUS*, *MT-ARR5::GUS*, *pro-ARR5::GUS* e *proGA_{20x}::GUS*, sendo os explantes obtidos como descrito no item 4.2.2. O ensaio histoquímico foi conduzido com os explantes cotiledonares incubados *overnight* a 37 °C em tampão de reação contendo X-Gluc (80 mM de tampão sódio e fosfato, pH 7.0; 8 mM de EDTA; 0,4 mM de ferrocianeto de potássio; 0,05% de Triton X-100; 0,8 mg mL⁻¹ de 5-bromo-4-cloro-3-indol-β-d-glucoronídeo (X-Gluc); 20% de metanol). Após a coloração, a reação foi parada com etanol 70%. Após as trocas para a retirada da clorofila pelo etanol 70 %, a clarificação completa dos explantes foi realizada através da incubação em uma solução de hidrato de cloral *overnight* (LIU et al., 2014), sendo posteriormente fotografados em câmera de vídeo Leica DFC 310FX acoplada ao microscópio Leica DM LB.

4.3 Resultados e Discussão

4.3.1 MT-*pro* reduz a formação de gemas caulinares e raízes e aumenta a formação de calos *in vitro*

Poucos estudos mostraram o efeito do hormônio giberelina na regeneração *in vitro*. Análises dos mutantes de *arabidopsis* *gai* (*gibberellin-insensitive*) e *ga4* (níveis reduzidos da enzima giberelina 3B-hidroxilase) mostraram que baixos níveis ou baixa sensibilidade a giberelina causam um aumento na formação de gemas caulinares (EZURA; HARBERD, 1995). Por outro lado, o mutante MT-*pro*, o qual possui resposta constitutiva a giberelina (Tabela 4), apresenta baixa formação de gemas caulinares e raízes, sugerindo que este mutante atue na fase de aquisição de competência (LOMBARDI-CRESTANA et al., 2012). Para desvendar o processo de organogênese *in vitro* em MT-*pro*, a transferência sequencial de SIM I para MB ou RIM para MB foi utilizada para descobrir o tempo de exposição necessário para a indução de raízes ou gemas caulinares, respectivamente, em explantes cotiledonares.

Embora a redução na formação de gemas caulinares em MT-*pro* seja significativa, não existe atraso no tempo requerido para indução deste órgão, quando comparado a MT (Figura 8A). Entretanto, existe um pequeno atraso no tempo de indução de raízes para MT-*pro*, em relação a MT (Figura 8B-C), o qual pode ser responsável pela ausência de diferença estatística na porcentagem de explantes com raízes quando os explantes de MT-*pro* permanecem por mais tempo incubados em RIM (Figura 8B; LOMBARDI-CRESTANA et al., 2012). Apesar do aumento na formação de raízes quando os explantes cotiledonares de MT-*pro* são

avaliados tardivamente em RIM (Figura 8B), geralmente há uma redução no número de raízes por explantes neste mutante, quando comparado a MT, exceto a 48 h (Figura 8C). Portanto, embora MT-*pro* interfira na formação de gemas caulinares e raízes, seu efeito é mais acentuado para a formação de gemas caulinares. Além disso, como há alterações apenas no tempo de indução de raízes, e o tempo de indução de gemas caulinares permanece igual, MT-*pro* não altera o tempo de aquisição de competência, o qual precede o tempo de indução dos órgãos (CHRISTIANSON; WARNICK, 1988).

Buscando-se avaliar o efeito inverso de MT-*pro*, e comparar padrão semelhante de regeneração do mutante *gai* de arábido, foram realizados testes de regeneração *in vitro* com a planta transgênica UC82B-*Atgai^{del}*, a qual apresenta expressão do alelo de arábido que confere ganho de função para a proteína DELLA em tomateiro, reduzindo desta forma a sensibilidade a giberelina (MARTÍ et al., 2007). Devido à disponibilidade da planta transgênica UC82B-*Atgai^{del}*, obtida por outro grupo, optou-se pelo uso da cultivar UC82B como controle neste experimento de regeneração. Como esta cultivar apresenta alta capacidade de regeneração (HAMZA; CHUPEAU, 1993), foram utilizados explantes cotiledonares com 12 dias de idade, período que reduz a taxa de regeneração em MT (PINO et al., 2010). Ocorre um aumento na formação de gemas caulinares em UC82B-*Atgai^{del}* quando comparado com a cultivar UC82B (Figura 9A), porém, a formação de raízes, medida pelo percentual de explantes com raízes e a razão de raízes por explante é igual para os dois genótipos (Figura 9B-C). Estes resultados evidenciam a importância dos níveis endógenos de giberelina para a formação de gemas caulinares; porém, sugere que, embora a giberelina tenha um efeito negativo para a formação de raízes e gemas caulinares (Figura 8), a redução da sensibilidade deste hormônio tem efeito positivo apenas na formação de gemas caulinares.

Para corroborar esses dados obtidos com o mutante UC82B-*Atgai^{del}*, foi realizado um teste de regeneração com o mutante MT-*gib3*. Devido ao fato deste mutante ser defectivo na produção de giberelina (Tabela 4) e germinar apenas com a adição deste hormônio, foi realizada uma aplicação exógena de 100 µM de GA₃ no meio de germinação de sementes, tanto para MT, quanto para MT-*gib3*. Após a germinação das sementes (3 a 4 dias), estas foram transferidas para meio de germinação sem adição de hormônios. Buscando-se reduzir o efeito residual da giberelina, foram utilizados explantes foliares de plântulas com 21 dias para os experimentos (17 dias após a transferência para meio de germinação de sementes sem adição de hormônios). Porém, não houve diferenças significativas entre MT e MT-*gib3* para a formação de gemas caulinares (Figura 10A) e raízes (Figura 10B-C). Como o mutante MT-*gib3* apresenta baixos níveis endógenos e não baixa sensibilidade a giberelina,

o resultado obtido pode ter sido um efeito residual do hormônio aplicado, o qual dificulta a interpretação dos resultados.

Devido ao grande impacto da giberelina na formação de gemas caulinares (Figuras 8A e 9A; LOMBARDI-CRESTANA et al., 2012) e a possibilidade deste hormônio influenciar a fase de aquisição de competência, pois ele também reduz a formação de raízes no mutante MT-*pro* (Figura 8B-C; LOMBARDI-CRESTANA et al., 2012), foram realizadas transferências para SIM II contendo concentrações crescentes de GA₃ ou PBZ (1, 5, 10, 50 ou 100 µM), o qual é um inibidor da síntese de giberelina (RADEMACHER, 2000), após os 2 primeiros dias de incubação, período no qual MT encontra-se na fase de aquisição de competência (AZEVEDO, 2012). Com isso, verificou-se que o cultivo em PBZ aumenta a porcentagem (Figura 11A) e o tamanho das gemas caulinares formadas (Figuras 11B), enquanto a pré-incubação em GA₃ diminui a porcentagem de gemas caulinares formadas (Figura 11A) e aumenta o tamanho dos calos não-induzidos (Figuras 11B), em todas as concentrações utilizadas.

O efeito exógeno da giberelina reduzindo a regeneração (Figura 11) corrobora com os dados que mostram o efeito endógeno deste hormônio na regeneração (Figuras 8 e 9), pois aplicações exógenas de giberelina ou paclobutrazol produzem efeitos semelhantes às mutações de aumento ou redução da sensibilidade a este hormônio, respectivamente, evidenciando o efeito negativo da giberelina na organogênese *in vitro*. Além disso, é possível verificar que a alteração dos níveis de giberelina apenas durante a fase de aquisição de competência já é suficiente para reduzir formação de gemas caulinares em MT sob altos níveis de giberelina (aplicação exógena de giberelina) ou aumentar sob baixos níveis de giberelina (aplicação exógena de PBZ) (Figura 11), mostrando uma importante relação deste hormônio com a fase de aquisição de competência.

Visto que a pré-incubação em PBZ aumentou a formação de gemas caulinares em MT (Figura 11), as mesmas concentrações de PBZ foram utilizadas buscando-se reverter a baixa regeneração de MT-*pro*. Porém, mesmo as altas doses de PBZ não foram suficientes para recuperar a capacidade de regeneração deste mutante (Figura 12), provavelmente devido a sua resposta constitutiva a giberelina (JASINSKI et al., 2008), a qual não é influenciada pela alteração dos níveis endógenos deste hormônio.

Como a calogênese não induzida prejudica a formação de gemas caulinares a partir de explantes radiculares (PERES et al., 2001), o aumento desta calogênese em MT-*pro* e o efeito positivo da aplicação exógena de GA₃, além do efeito negativo da aplicação exógena de PBZ nesta calogênese, evidenciam um possível papel da giberelina na formação de calos,

prejudicando desta forma a organogênese. O papel da giberelina na formação de calos já foi evidenciado através da avaliação do peso fresco dos calos induzidos em MT e MT-*pro* (OLIVEIRA, 2015). Após a repicagem e incubação de 21 dias dos calos em SIM II, há um aumento do peso fresco em MT-*pro*, quando comparado a MT (OLIVEIRA, 2015), sugerindo um possível efeito da giberelina nos processos de divisão e diferenciação celular.

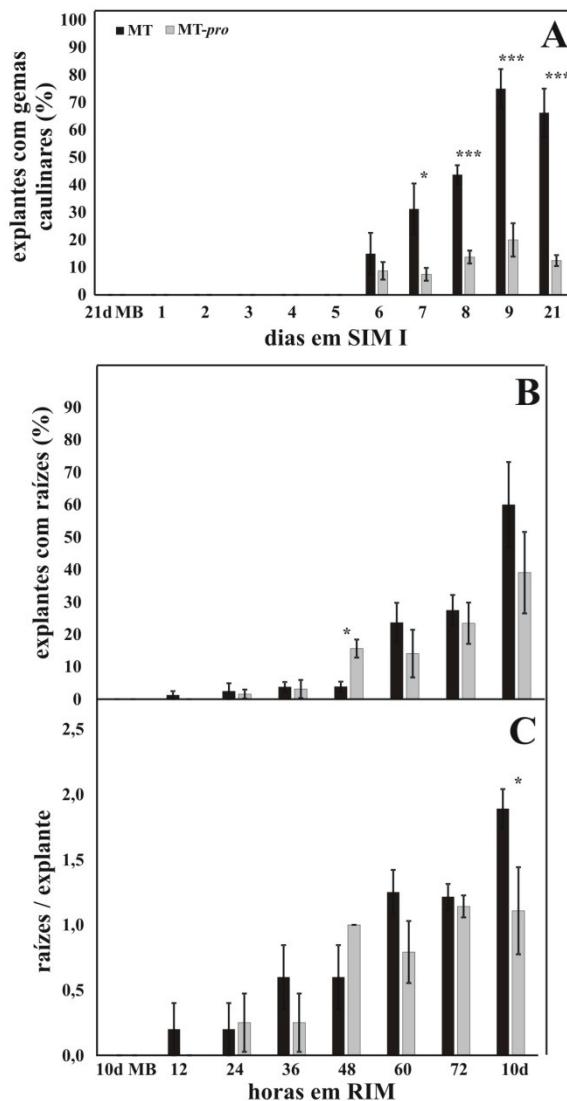


Figura 8 - Tempo necessário para a indução de gemas caulinares (A) e raízes (B) e número de raízes por explantes (C) em MT e MT-*pro*. Após cada tratamento de indução em SIM I (A) ou RIM (B-C), os explantes foram transferidos para meio basal (MB) até o 21º (A) ou 10º dias (B-C). Os explantes cotiledonares foram obtidos a partir de plântulas com 8 dias. Barras de erro representam média ± SE, n = 6. Cada repetição consiste em uma placa de Petri contendo 16 explantes. Barras com *, ** e *** indicam diferenças significativas pelo Teste Duncan a 5%, 1% e 0,1% de probabilidade, respectivamente

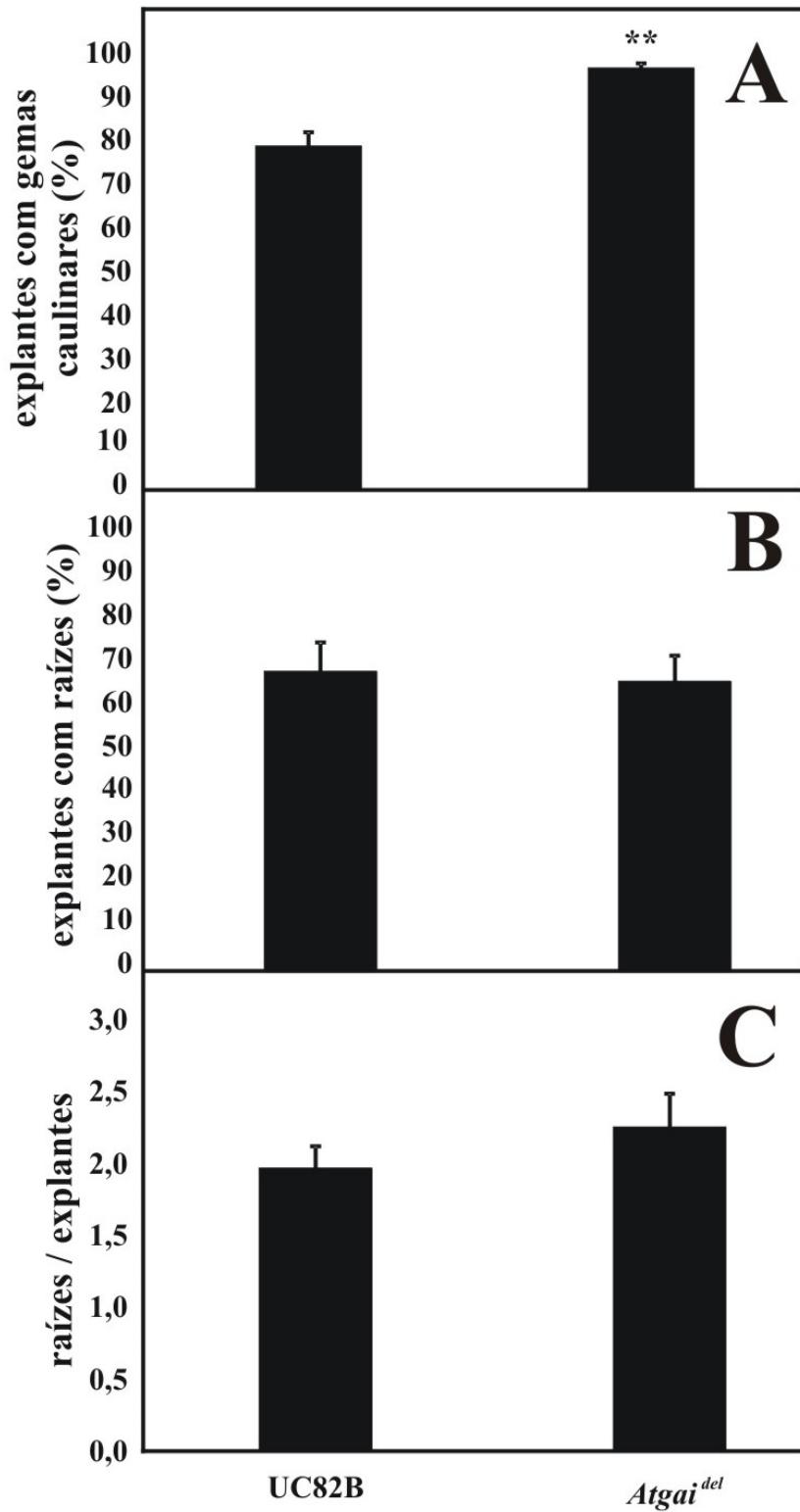


Figura 9 - Capacidade de regeneração *in vitro* de UC82B e UC82B-*Atgai^{del}*. (A) Formação de gemas caulinares em explantes cotiledonares cultivados em SIM II. (B) Formação de raízes em explantes cotiledonares cultivados em RIM. (C) Número de raízes por explante em explantes cotiledonares cultivados em RIM. Os explantes cotiledonares foram obtidos a partir de plântulas com 12 dias. Barras de erro representam média ± SE, n = 6. Cada repetição consiste em uma placa de Petri contendo 16 explantes. Barras com *, ** e *** indicam diferenças significativas pelo Teste Duncan a 5%, 1% e 0,1% de probabilidade, respectivamente

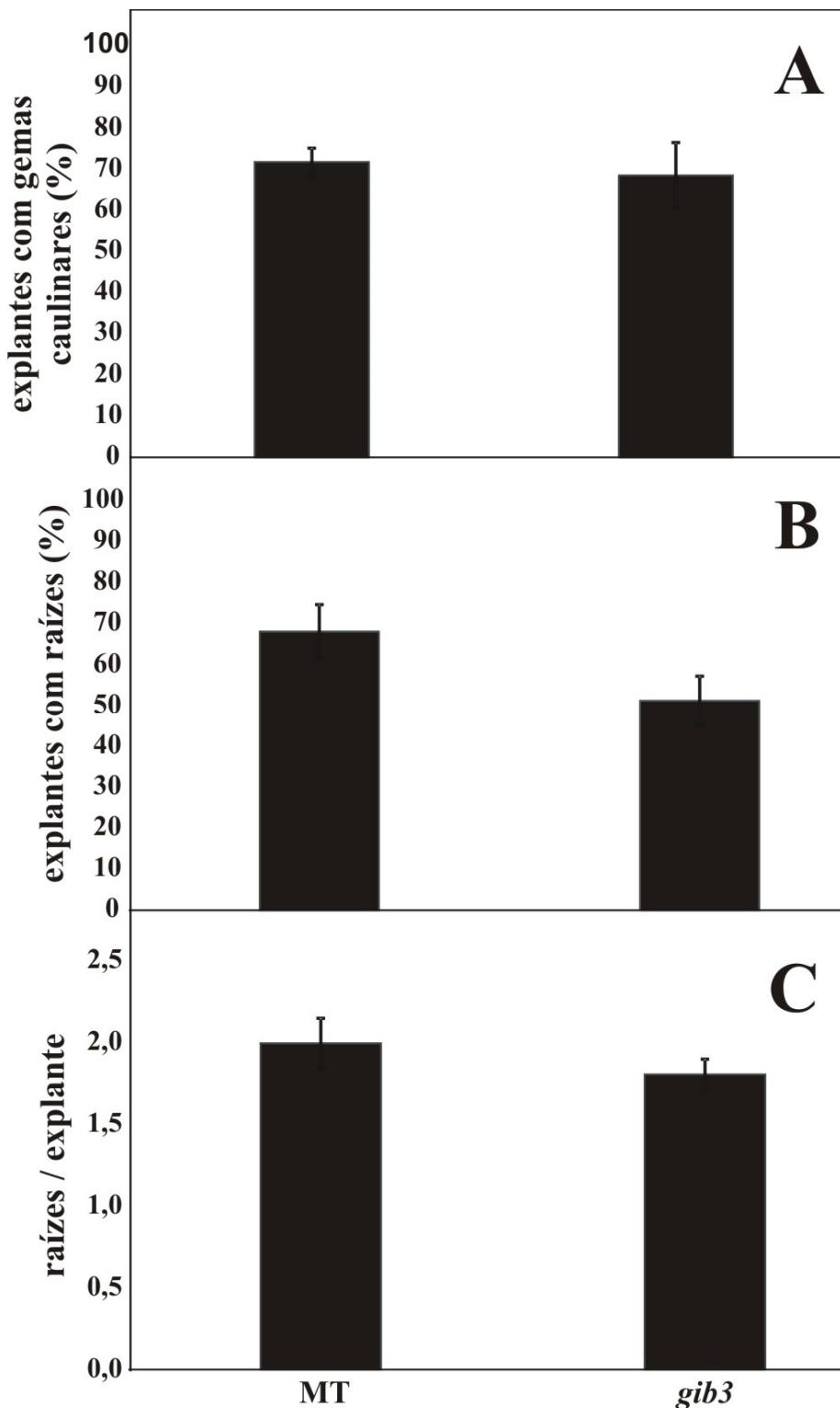


Figura 10 - Capacidade de regeneração *in vitro* de MT e MT-*gib-3*. (A) Formação de gemas caulinares em explantes foliares cultivados em SIM II. (B) Formação de raízes em explantes foliares cultivados em RIM. (C) Número de raízes por explante em explantes foliares cultivados em RIM. Os explantes foliares foram obtidos a partir de plântulas com 21 dias, germinadas em MB contendo metade dos sais de MS acrescido de 100 µM de GA₃. Após a germinação das sementes (4 dias), as sementes que emitiram radícula foram transferidas para MB contendo metade dos sais de MS, sem suplementação hormonal. Barras de erro representam média ± SE, n = 6. Cada repetição consiste em uma placa de Petri contendo 16 explantes.

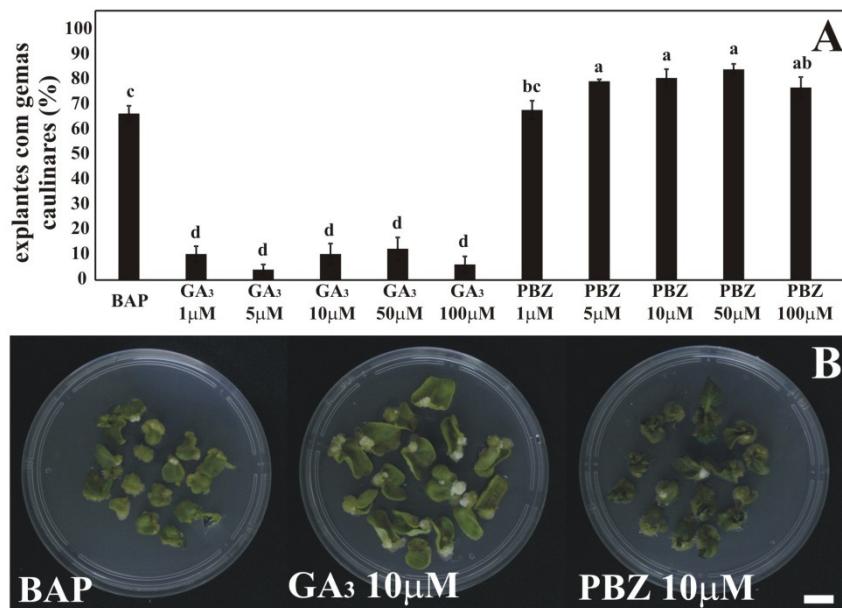


Figura 11 - Formação de gemas caulinares em explantes cotiledonares de MT com ou sem pré-incubação com GA₃ ou PBZ. (A) Explantes cotiledonares de MT foram incubados por 2 dias em diferentes concentrações de GA₃ ou PBZ para avaliar a importância da giberelina durante a fase de aquisição de competência. Após a pré-incubação, os explantes foram transferidos para o meio SIM II, permanecendo no mesmo até o 21º dia de incubação. O tratamento controle com BAP permaneceu 21 dias em SIM II. (B) Aspecto visual dos explantes após 21 dias de incubação. As setas indicam as regiões com a presença de calos e/ou gemas caulinares. Os explantes cotiledonares foram obtidos a partir de plântulas com 8 dias. Barras de erro representam média ± SE, n = 6. Cada repetição consiste em uma placa de Petri contendo 16 explantes. Diferentes letras indicam diferenças significativas pelo Teste Duncan a 5% de probabilidade.

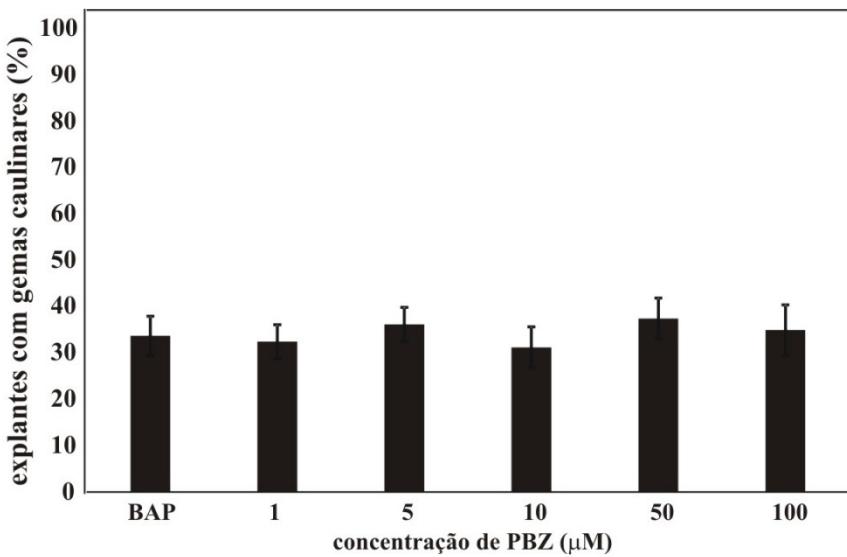


Figura 12 - Formação de gemas caulinares em explantes cotiledonares de MT-*pro* com ou sem pré-incubação com PBZ. Os explantes cotiledonares foram incubados por dois dias em diferentes concentrações de PBZ e após a pré-incubação, os explantes foram transferidos para o meio SIM II, permanecendo no mesmo até o 21º dia de incubação. O tratamento controle com BAP permaneceu 21 dias em SIM II. Os explantes cotiledonares foram obtidos a partir de plântulas com 8 dias. Barras de erro representam média ± SE, n = 6. Cada repetição consiste em uma placa de Petri contendo 16 explantes.

4.3.2 MT-*pro* altera a expressão dos genes *WUSCHEL* e *TKn2* e interfere no processo de divisão celular

Buscando-se compreender melhor o processo de organogênese *in vitro* em tomateiro e identificar genes diferencialmente expressos, os quais possam ser responsáveis pelo padrão de baixa regeneração de MT-*pro*, análises por RT-qPCR foram realizadas. Para todos os experimentos foi utilizado um *time course* com os 4 ou 6 primeiros dias em SIM I, representando a fase de aquisição de competência e os primeiros dias da indução de gemas caulinares para MT (AZEVEDO, 2012). As amostras biológicas de todos os tratamentos foram analisadas para utilizando-se dois genes de referência (*PPA2A* e *TUBULINA*) e uma amostra como tratamento controle interno da expressão (MT 0 d), segundo o método proposto por Pfaffl (2001).

O gene *WUS* define o centro organizador do MAC, o qual é essencial para a indução de células-tronco, podendo transformá-las nas células de todos os tecidos de uma planta (LAUS et al., 1996; MAYER et al., 1998). Por sua vez, as células-tronco expressam o gene *CLV3*, o qual restringe a expressão de *WUS* (SCHOOF et al., 2000). Ao analisarmos a expressão de *WUS*, observamos um aumento da expressão durante a incubação em SIM I, sendo este aumento bastante acentuado em MT-*pro* (Figura 13A). Por outro lado, a expressão do gene *CLV3* em MT-*pro* não apresenta variações no período analisado, enquanto ocorre uma redução da expressão de *CLV3* em MT no primeiro e no quarto dia de incubação em SIM I (Figura 13B). O aumento da expressão do gene *WUS* em MT-*pro*, enquanto a expressão praticamente constante do gene *CLV3*, pode ser comparado ao que ocorre no mutante *clv3* de arábido (ANDERSEN et al., 2008). Como o gene *CLV3* não é expresso, não há a inibição da expressão do gene *WUS* por *CLV3*, fazendo com que o domínio de expressão desse gene seja maior e as *stem cells* proliferem-se de forma inapropriada (ANDERSEN et al., 2008). Portanto, o aumento dos calos formados em MT-*pro* (Figura 11B; OLIVEIRA, 2015) pode ser causado pelo acentuado acúmulo de transcritos do gene *WUS* durante os 4 primeiros dias de indução em SIM I (Figura 13A).

A análise do gene *TKn2* (KNOX classe I) mostrou uma redução na sua expressão no primeiro dia de incubação em SIM I (Figura 13C); porém, durante os demais dias de incubação, a expressão deste gene em MT sofre um aumento gradual, o que não ocorre em MT-*pro* (Figura 13C). Esta diferença no padrão de expressão pode estar relacionada a redução da formação de gemas caulinares em MT-*pro*, pois dados de microscopia de varredura mostraram que o mutante MT-*Me* além de aumentar a formação de gemas caulinares (LOMBARDI-CRESTANA et al., 2012), também faz com que estas tenham características

semelhantes ao meristema apical caulinar e desenvolvem-se mais do que as gemas caulinares de MT (OLIVEIRA, 2015). Portanto, a baixa formação de gemas caulinares em MT-*pro* pode ocorrer devido ao aumento da expressão do gene *WUS* (Figura 13A), causando o aumento da formação de células indiferenciadas, as quais não são induzidas para a formação de gemas caulinares, devido a baixa expressão do gene *TKn2* (Figura 13C).

O fator de transcrição *STM*, o qual é um gene *KNOX* classe I, contribui para a manutenção das células do meristema no MAC (LENHARD et al., 2002), não sendo expresso apenas em regiões de iniciação foliar (LONG; BARTON, 1998). Nessas regiões, a especificação das células é controlada pelo acúmulo localizado de auxina, ativação de fatores de transcrição órgão específicos e repressão da expressão dos genes *KNOX* (LONG; BARTON, 1998; BYRNE; SIMOROWSKI; MARTIENSSSEN, 2002; BENKOVA et al., 2003). A expressão ectópica dos genes *KNOX* afeta o recorte foliar e inibe o crescimento da folha devido a formação de meristemas ectópicos em sua superfície (LINCOLN et al., 1994; CHUCK et al., 1996; GALLOIS et al., 2002; LENHARD et al., 2002). Estudos envolvendo a organogênese *in vitro* em arábido mostraram que nas regiões do promeristema, as quais darão origem ao meristema vegetativo, ocorre a regulação positiva do gene *STM* (GORDON et al., 2007). Além disso, o mutante *Mouse ears* (*Me*), o qual é a superexpressão de um gene *KNOX* de tomateiro (*TKn2/LeT6*; PARNIS et al., 1997), aumenta a formação de gemas caulinares *in vitro* (LOMBARDI-CRESTANA et al., 2012).

Durante a organogênese *in vitro*, a expressão do gene *CUC2* marca um pequeno número de células progenitoras que proliferam para formar uma massa relativamente homogênea de células, a qual é modelada posteriormente em um novo meristema (GORDON et al., 2007). Devido a sua expressão nas fases iniciais da organogênese, enquanto os explantes radiculares de arábido são mantidos em CIM (CARY et al., 2002; CHE et al., 2007; GORDON et al., 2007), e ao seu uso como marcador dos locais onde haverá formação tanto de gemas caulinares *in vitro* quanto de primórdios de raízes laterais (MOTTE et al., 2011), tem sido sugerido que o gene *CUC2* possa atuar na fase de aquisição de competência. Entretanto, em tomateiro a expressão do gene *GOBLET* aumenta no primeiro dia de cultivo em SIM I, tanto para MT quanto para MT-*pro*, não apresentando diferenças entre eles no período de incubação (Figura 13D). Além disso, diferenças na expressão deste gene não são fundamentais para a alteração da taxa de regeneração, pois o ganho de função deste gene no mutante *Gob-4d* não leva a um aumento da regeneração e a perda de função no mutante *gob-3* não inibe totalmente a formação de órgãos (Figura 14).

Estudos anatômicos mostraram que os polos de protoxilema formados durante as fases iniciais da organogênese *in vitro* de arábido dão origem às gemas caulinares (ATTA et al., 2009). Para tomateiro, análises anatômicas mostraram que MT-*Rg1*, o qual aumenta a formação de gemas caulinares e raízes em explantes cotiledonares (LOMBARDI-CRESTANA et al., 2012), tem um número maior de células do protoxilema aos 4 dias em SIM II (Figura 7). Este evento pode estar associado ao aumento da expressão do gene *CDCA7L* (Figura 6B), o qual tem um importante papel como oncogene (HUANG et al., 2005). Analisando a expressão do gene *CDCA7*, pode-se observar que este apresenta um aumento acentuado da expressão nos 2 primeiros dias em SIM I para MT, enquanto em MT-*pro* este aumento é mais tardio (Figura 13E). Além disso, há um reduzido número de células do protoxilema em divisão em MT-*pro* (Figura 15C-E), apresentando um padrão oposto ao observado em MT-*Rg1*, quando comparado a MT (Figura 7). O efeito da giberelina na proliferação celular já foi mostrado através de dados anatômicos, relacionando a aplicação exógena de giberelina com a redução da taxa de crescimento e proliferação celular no centro quiescente de raízes de tomateiro (BARLOW, 1992). Desta forma, os dados sugerem que a baixa taxa de divisão celular, principalmente relacionada às células do protoxilema, prejudica a regeneração em MT-*pro*.

Ao analisarmos os dados de expressão gênica em conjunto de MT e MT-*pro*, podemos sugerir que o aumento da expressão do gene *WUS* em MT-*pro* (Figura 13A) levaria a uma proliferação inadequada das *stem cells*, as quais não seriam induzidas a formar gemas caulinares, devido baixa expressão do gene *TKn2* (Figura 13C), sendo este efeito visualizado por meio do pequeno número de células do protoxilema em divisão (Figura 15E).

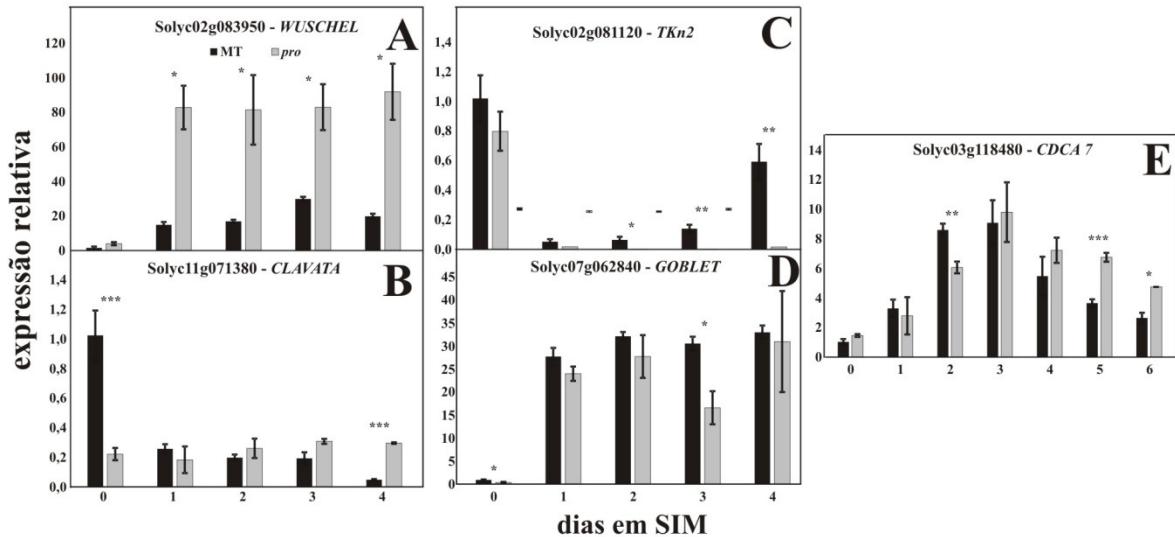


Figura 13 - Expressão relativa de genes relacionados com a organogênese *in vitro* em MT e MT-pro. Expressão relativa dos genes Solyc02g083950 - *WUSCHEL* (A), Solyc11g071380 – *CLAVATA* (B), Solyc02g081120 – *TKn2* (C), Solyc07g062840 – *GOBLET* (D) e Solyc03g118480 – *CDCA7* (E) em um *time course* em SIM I. O número de dias indica o período no qual os explantes permaneceram em SIM I. Os 2 primeiros dias em SIM I (A-E) representam o tempo necessário para a aquisição de competência para MT. Barras de erro com *, ** e *** indicam diferenças significativas através do Teste de Duncan a 5%, 1% e 0,1% de probabilidade, respectivamente.

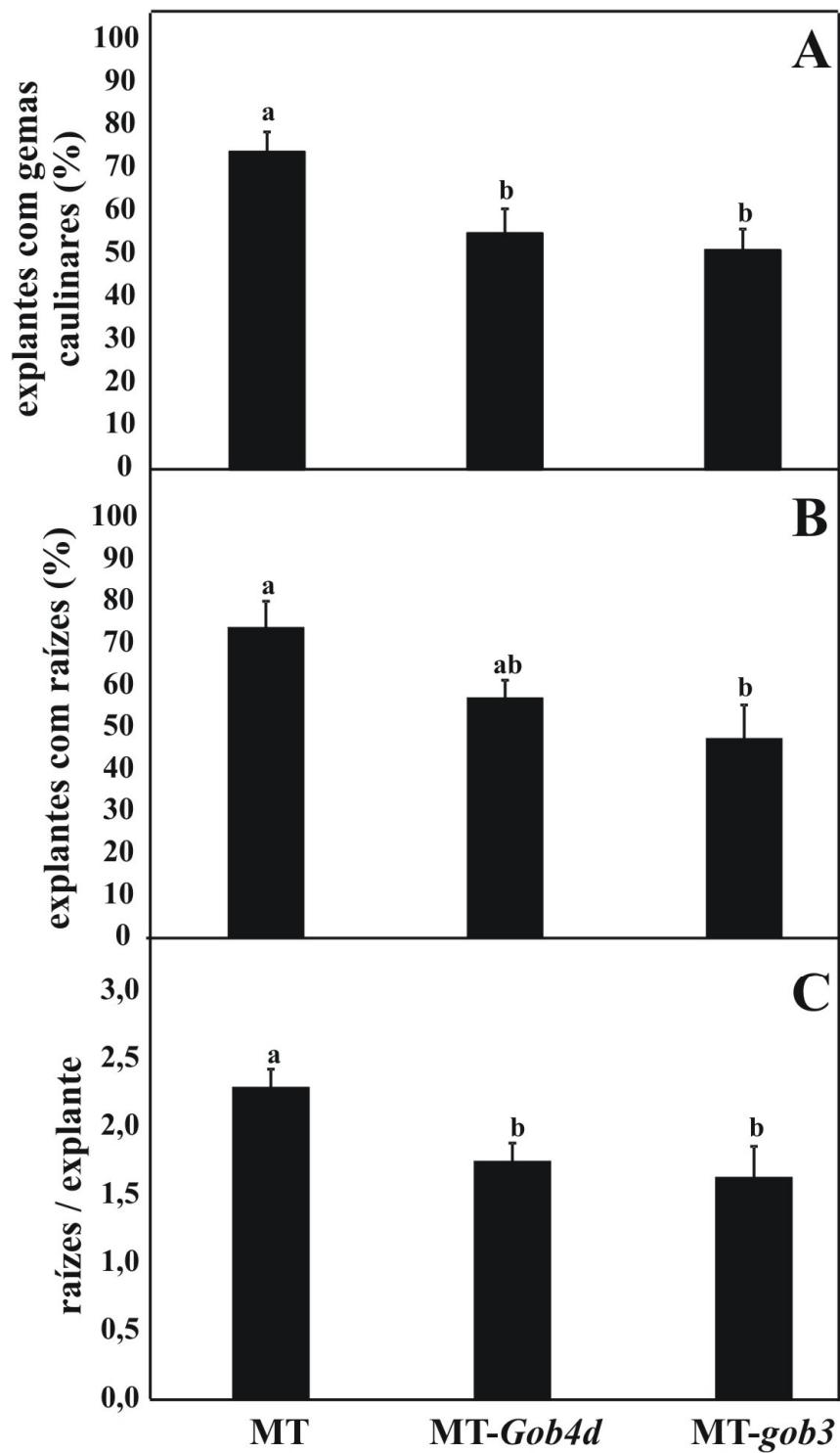


Figure 14 - Capacidade de regeneração *in vitro* de MT, MT-*Gob4d* e MT-*gob3*. (A) Formação de gemas caulinares em explantes cotiledonares cultivados em SIM II. (B) Formação de raízes em explantes cotiledonares cultivados em RIM. (C) Número de raízes por explante em explantes cotiledonares cultivados em RIM. Os explantes cotiledonares foram obtidos a partir de plântulas com 8 dias. Barras de erro representam média ± SE, n = 6. Cada repetição consiste em uma placa de Petri contendo 16 explantes. Diferentes letras indicam diferenças significativas pelo Teste Duncan a 5% de probabilidade.

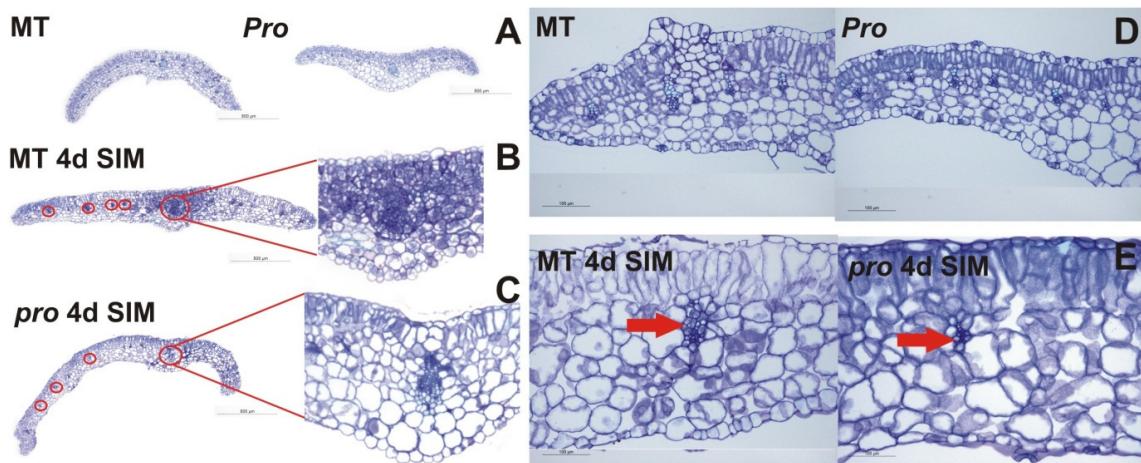


Figura 15 - Cortes transversais de explantes cotiledonares de MT e MT-*pro* aos 8 dias. Visão geral dos explantes cotiledonares não incubados em meio de cultura (A) e após a incubação de 4 dias em SIM II para MT (B) e MT-*pro* (C). O terço médio dos cotilédones não incubados (D) e incubados por 4 dias em SIM II (E) é evidenciado. As setas vermelhas indicam o feixe vascular (E). Note a presença do feixe vascular principal e de parte do mesófilo, constituído por parênquima paliçádico e lacunoso na superfície adaxial e abaxial, respectivamente. Barra = 500 µm em A, B e C; Barra = 100 µm em D e E.

4.3.3 MT-*pro* reduz a formação de gemas caulinares devido a um *crosstalk* entre a sinalização por giberelina e citocinina

Trabalhos anteriores propuseram que o aumento na regeneração dos mutantes *gai* e *ga4* de *arabidopsis* (baixa sensibilidade e produção de giberelina, respectivamente) ocorre devido a uma interação entre as giberelinas e o balanço citocinina/auxina, sendo a interação entre a giberelina e a auxina, especificamente, a responsável pelo aumento na regeneração (EZURA; HARBERD, 1995). Neste contexto, para compreender melhor o processo da organogênese *in vitro* em tomateiro e identificar interações hormonais que contribuam para a baixa regeneração do mutante MT-*pro*, foram realizados testes de regeneração *in vitro* com distintos balanços hormonais e ensaios de localização do gene *GUS*, utilizando-se plantas transgênicas com promotores hormonais específicos (citocinina *ARR5::GUS*, auxina *DR5::GUS*, giberelein *proGA2ox::GUS*), descritas na Tabela 4.

Quando uma pré-incubação de 2 dias em RIM é realizada para MT, há um aumento da formação de gemas caulinares *in vitro* (PINO et al., 2010). Essa pré-incubação coincide com o período de aquisição de competência de MT, evidenciando que durante esta fase, tanto a auxina quanto a citocinina são suficientes para que as células adquiram a competência necessária para a regeneração de novos órgãos. Devido ao aumento na formação de gemas caulinares em MT com a pré-incubação em RIM, e da ocorrência de uma possível interação entre giberelina e auxina, foi realizado um experimento utilizando a pré-incubação

do mutante MT-*pro*. No experimento aqui conduzido, a pré-incubação em RIM aumenta a formação e o tamanho das gemas caulinares em MT, porém nenhuma alteração foi observada para MT-*pro* (Figura 16A-B), sugerindo que a resposta constitutiva a giberelina não influencie a resposta à auxina.

Buscando-se monitorar o nível de auxinas livres endógenas e comprovar que a giberelina não influencia a resposta *in vitro* à auxina em MT-*pro*, foi utilizada a linha transgênica *DR5::GUS* (ULMASOV et al., 1997), sendo também obtido o duplo genótipo *pro- DR5::GUS*. A ocorrência de uma concentração máxima localizada de auxina é essencial para a formação de gemas caulinares e algumas características particulares de auxinas sintéticas fazem com que elas sejam muito eficientes em gerar pontos múltiplos de máxima concentração de auxina (CHE et al., 2007; MOTTE et al., 2014). O sinal de auxina nos cotilédones de *DR5::GUS* incubados em RIM aparece antes, e em ambos as extremidades dos cotilédones quando comparados a incubação em SIM II (Figura 17). O mesmo padrão é observado em *pro- DR5::GUS*, porém há um atraso de algumas horas para o início do sinal de auxina em SIM II (Figura 17). Este atraso pode ser responsável pelo pequeno atraso observado na formação de raízes em MT-*pro* (Figura 8B-C).

Como a giberelina parece não influenciar o nível endógeno de auxina (Figura 17), apesar de influenciar a regeneração em MT-*pro* (Figura 8; LOMBARDI-CRESTANA et al., 2012), buscou-se monitorar o nível de citocininas livres endógenas através da linha transgênica *ARR5::GUS* (D'AGOSTINO et al., 2000) e do duplo mutante/transgênico *pro - ARR5::GUS*. Em *ARR5::GUS*, o sinal de citocinina localiza-se em todo o explante após poucas horas de incubação, tanto em RIM quanto em SIM II (Figura 18). Em *pro - ARR5::GUS*, o sinal de citocinina aparece tarde e é muito mais fraco do que em *ARR5::GUS*, em ambos os tratamentos (Figura 18). Além disso, por meio da linha transgênica *proGa2ox::GUS*, pode-se observar que o sinal de giberelina coincide com o sinal de citocinina (Figura 19). Estes resultados sugerem um efeito negativo da giberelina no sinal de citocinina, mostrando um *crosstalk* entre a sinalização desses hormônios. Portanto, a baixa formação de gemas caulinares em MT-*pro* (Figura 8) provavelmente ocorre devido ao atraso do sinal de citocinina, causado pela resposta constitutiva a giberelina.

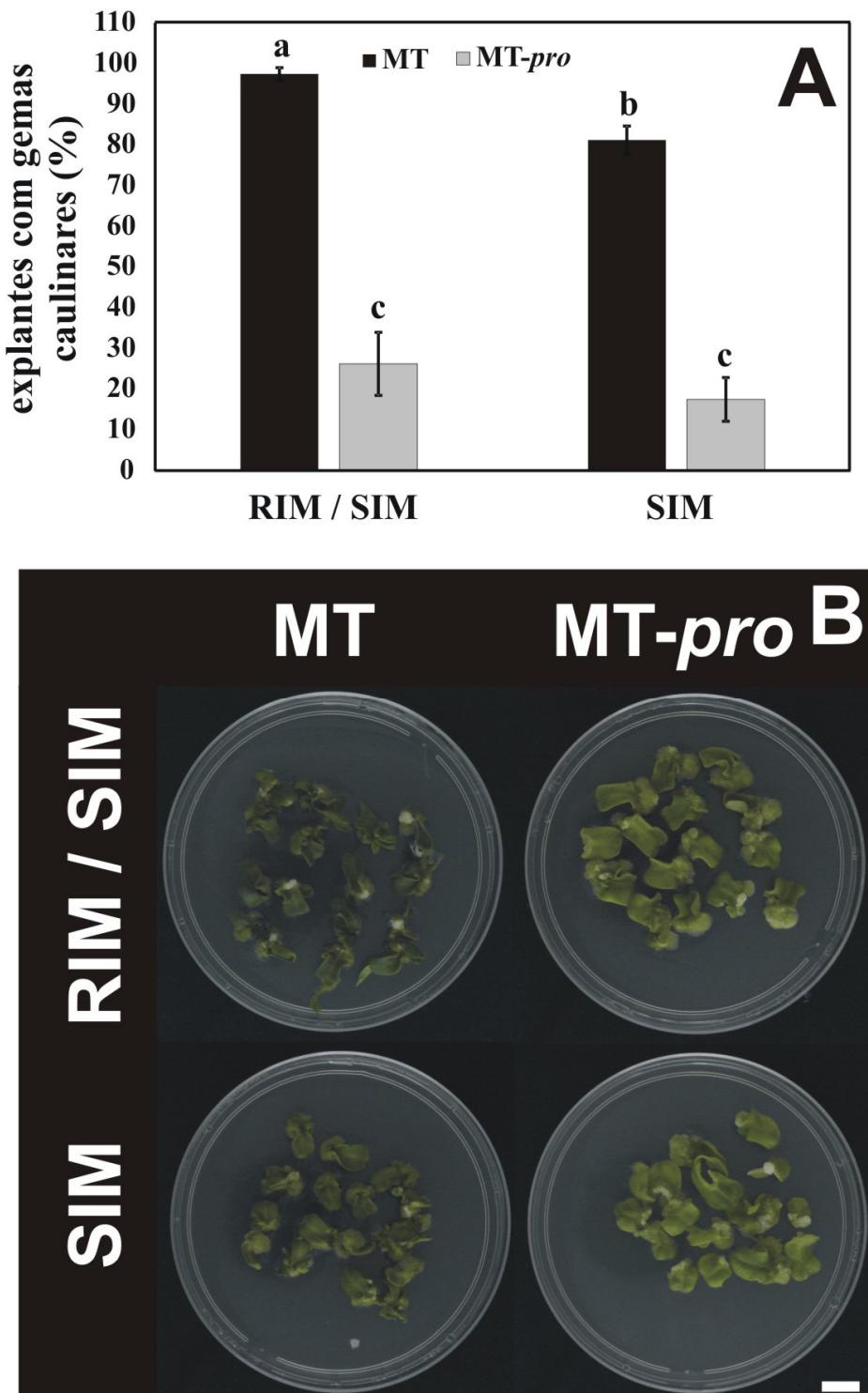


Figura 16 - Formação de gemas caulinares em explantes cotiledonares de MT e MT-*pro* com ou sem pré-incubação com RIM (A). Após a pré-incubação, os explantes foram transferidos para o meio SIM II, permanecendo no mesmo até o 21º dia de incubação. O tratamento controle com BAP permaneceu 21 dias em SIM II. (B) Aspecto visual dos explantes após 21 dias de incubação. Os explantes cotiledonares foram obtidos a partir de plântulas com 8 dias. Barras de erro representam média ± SE, n = 6. Cada repetição consiste em uma placa de Petri contendo 16 explantes. Diferentes letras indicam diferenças significativas pelo Teste Duncan a 5% de probabilidade.

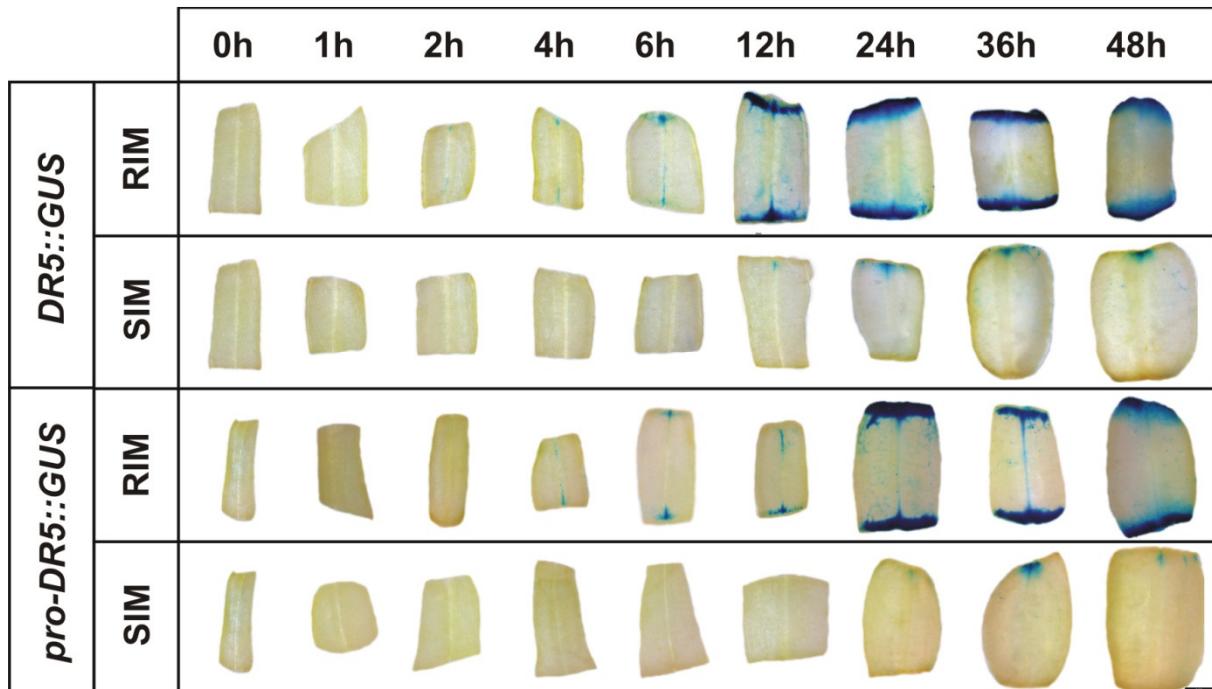


Figura 17 - Sinal de *DR5::GUS* durante a regeneração *in vitro*. Em *DR5::GUS*, o sinal de auxina está localizado apenas em um dos lados dos explantes cotiledonares em SIM II e nos dois lados em RIM. O mesmo padrão é observado no duplo *pro-DR5::GUS*, entretanto há um atraso de algumas horas no início deste padrão. Os explantes cotiledonares de *DR5::GUS* e *pro-DR5::GUS* vindos de plântulas com 8 dias foram incubados em SIM II ou RIM.

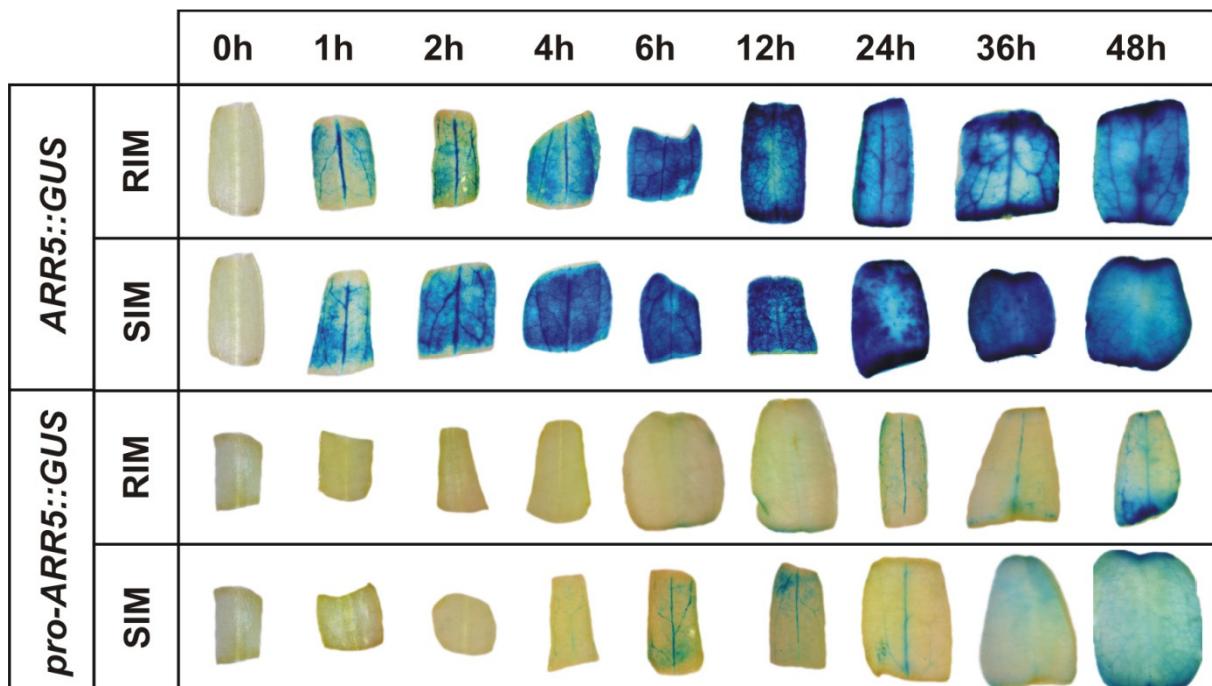


Figura 18 - Sinal de *ARR5::GUS* durante a regeneração *in vitro*. Em *ARR5::GUS*, o sinal de citocinina está localizado em todo o explante após poucas horas para ambos os tratamentos. Entretanto, o sinal de citocinina em *pro-ARR5::GUS* aparece tarde e é mais fraco. Explantes cotiledonares de *ARR5::GUS* e *pro-ARR5::GUS* vindos de plântulas com 8 dias foram incubados em SIM II ou RIM.

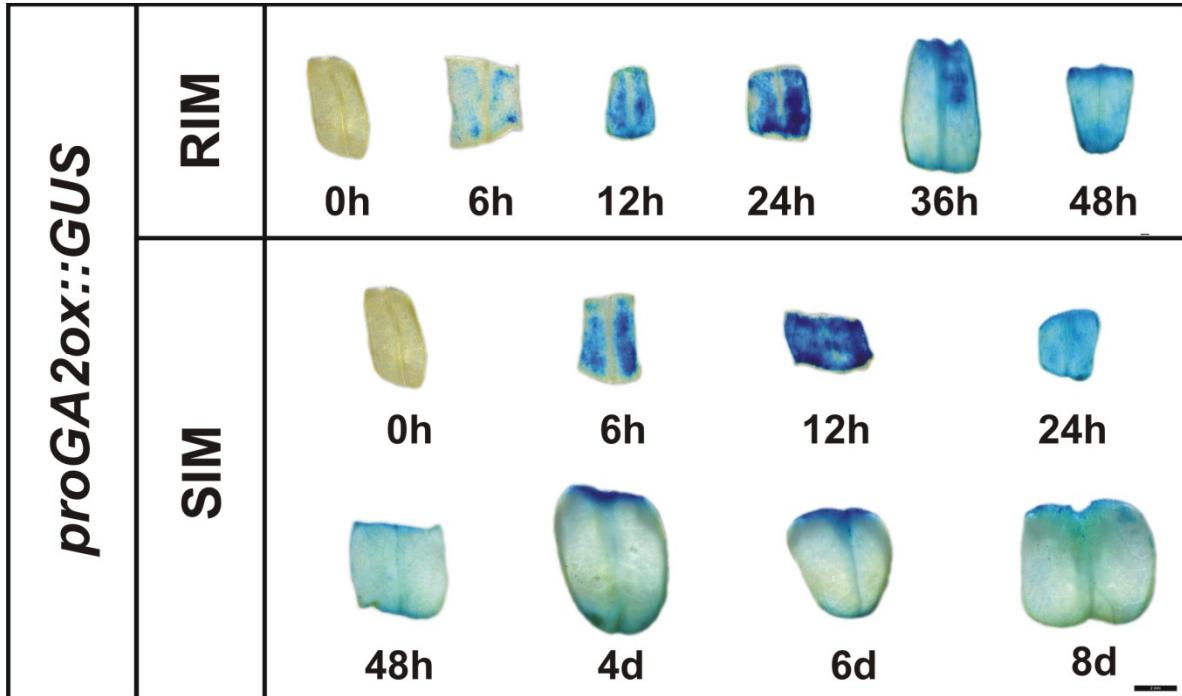


Figure 19 - Sinal de *proProGa20ox::GUS* durante a regeneração *in vitro*. Em *proGa2ox::GUS*, o sinal de giberelina está localizado em todo o explante após poucas horas para ambos os tratamentos, coincidindo com o sinal de citocinina (Figura 18). Explantes cotiledonares de *proGa2ox::GUS* vindos de plântulas com 8 dias foram incubados em SIM II ou RIM..

4.3.4 Giberelina pode influenciar negativamente a concentração de citocinina através de alterações na expressão de citocininas oxidases (CKXs)

Embora diversos estudos tenham sido realizados buscando compreender melhor o *crosstalk* entre hormônios, as interações observadas entre giberelina e citocinina ainda não estão claras, sendo esta interação evidenciada por meio do inibidor de resposta a giberelina *SPINDLY* (GREENBOIM-WAINBERG et al., 2005). Análises de mutantes perda de função para o gene *SPINDLY* e de aplicações endógenas de giberelina indicam a repressão de diversas respostas a citocinina, do desenvolvimento de plântulas a senescência (GREENBOIM-WAINBERG et al., 2005). No presente trabalho, por meio do monitoramento do nível de citocininas livres endógenas por ensaio histoquímico de GUS foi observada a inibição do sinal de citocinina no duplo mutante *pro-DR5::GUS*, devido a resposta constitutiva a giberelina do mutante MT-*pro* (Figura 18).

Para aprofundar as análises da interação entre giberelina e citocinina na organogênese *in vitro*, foi realizada a pré-incubação de explantes cotiledonares de *ARR5::GUS* nas concentrações hormonais 5 µM BAP, 1 µM GA₃, 10 µM PBZ, 1 µM BAP + GA₃, 10 µM BAP + GA₃, 50 µM BAP + GA₃ ou apenas MB.

A incubação em PBZ apresenta a mesma intensidade de sinal de citocinina apresentada em tratamento com BAP, enquanto a incubação em GA₃ causa a redução deste sinal (Figura 20). Por outro lado, a incubação em BAP com concentrações crescentes de GA₃, com o intuito de mimetizar o resultado observado em *pro- ARR5::GUS* (Figura 18), causa o atraso do surgimento do sinal de citocinina (Figura 20). A diferença observada entre os tratamentos de *ARR5::GUS* incubado em BAP e/ou GA₃ (Figura 20) e o duplo *pro- ARR5::GUS* (Figura 18), sugere que a resposta constitutiva a giberelina em MT-*pro* possa intensificar o efeito negativo de giberelina na via de citocinina ou que possa existir outro componente nesta interação. Porém, a incubação em BAP e GA₃ já é suficiente para reduzir a formação de gemas caulinares em MT, mesmo em doses baixas (Figura 21), da mesma forma que ocorre em arábido (EZURA; HARBERD, 1995).

Ao identificarmos o efeito negativo da giberelina na formação de gemas caulinares (Figuras 8 e 21) e nos níveis endógenos de citocinina (Figuras 18 e 20), foi conduzida a análise da expressão gênica por RT-qPCR para identificar qual etapa da via de biossíntese de citocinina a giberelina estaria influenciando. Para isso, foi realizado uma análise temporal *time course* nos 4 primeiros dias em cultivo em SIM I, representando a fase de aquisição de competência e os primeiros dias da indução de gemas caulinares para MT (AZEVEDO, 2012). As amostras biológicas de todos os tratamentos foram analisadas para expressão de *IPT3/IPT5*, *IPT5*, *IPT9* e *CKX1a*, empregando como referência *PPA2A* e *TUBULINA* e uma amostra como tratamento controle interno da expressão (MT 0 d), segundo o método proposto por Pfaffl (2001).

A análise da expressão de genes relacionados à via de citocinina mostrou que ocorre uma redução na expressão dos genes *IPT3/IPT5* (Figura 22A), *IPT5* (Figura 22B) e *IPT9* (Figura 22C) em MT-*pro*, quando comparado a MT, em alguns pontos do *time course*, mostrando uma alteração na modulação de genes para a biossíntese de citocinina. Entretanto, foi observado o aumento significativo da expressão do gene *CKX1a* em MT-*pro*, quando comparado a MT (Figura 22D). Como o gene *CKX1a* é responsável pela degradação de citocinina, este dado sugere que a giberelina possa influenciar negativamente os níveis de citocinina através da degradação deste hormônio.

A influencia negativa da giberelina sob os níveis de citocininas corrobora com outros trabalhos, os quais mostram que a aplicação exógena de giberelina reduz a quantidade e a resposta a citocinina em diferentes estágios do desenvolvimento vegetal (GREENBOIM-WAINBERG et al., 2005) e pode explicar o aumento da formação de calos (OLIVEIRA, 2015) e a baixa formação de gemas caulinares no mutante MT-*pro*.

(LOMBARDI-CRESTANA et al., 2012), pois já é conhecida a inibição da diferenciação celular induzida por citocinina através do hormônio giberelina em cultura de tecidos vegetais (FLICK et al., 1983).

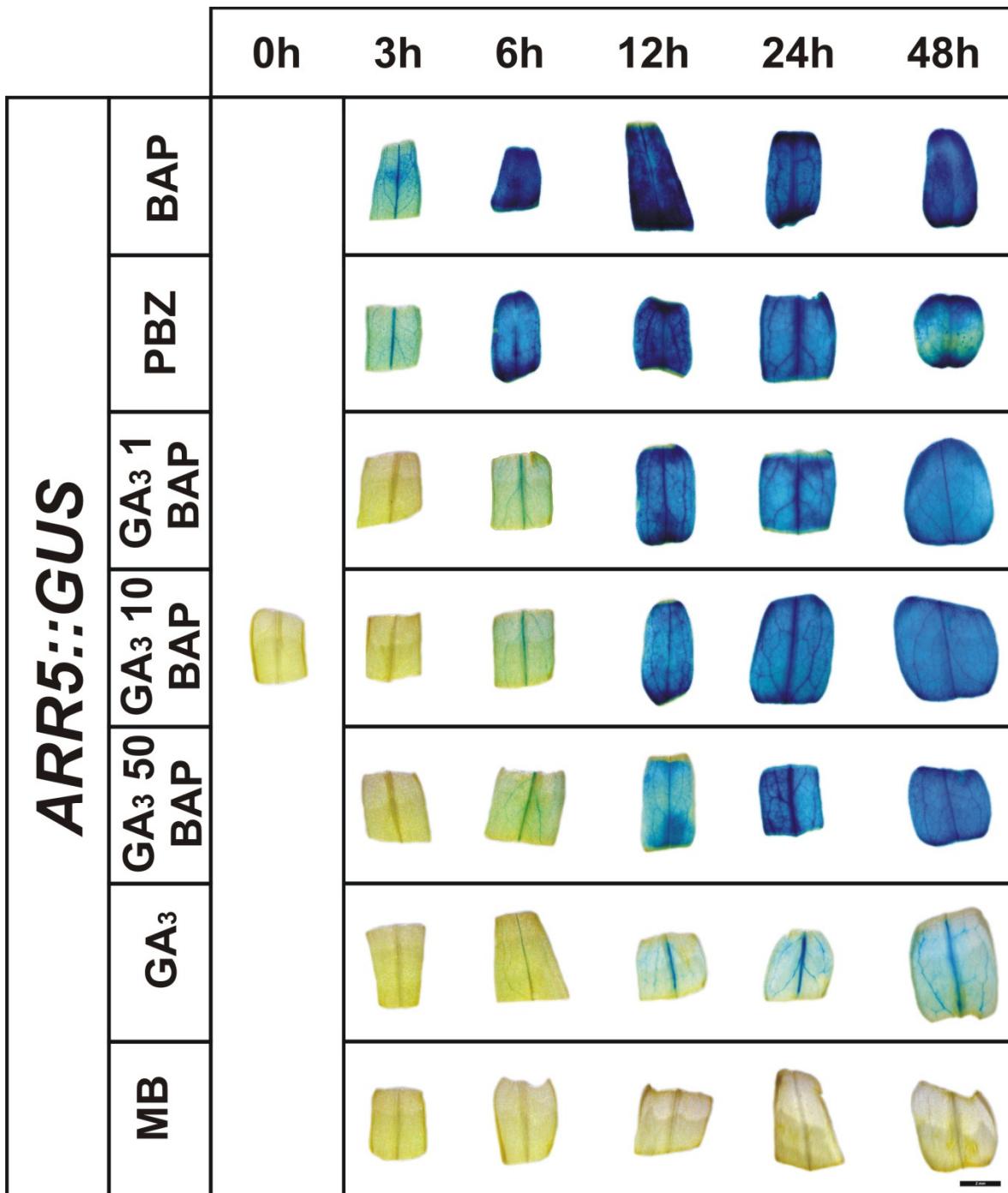


Figura 20 - Sinal de *ARR5::GUS* durante a regeneração *in vitro* com diferentes concentrações de GA_3 . Explantes cotiledonares de *ARR5::GUS* foram incubados em MB acrescido ou não de BAP 5 μM (SIM II), GA_3 1 μM , PBZ 10 μM , BAP + GA_3 1 μM , BAP + GA_3 10 μM ou BAP + GA_3 50 μM . Observe que o sinal de citocinina varia com diferentes com o acréscimo de GA_3 e PBZ em meio de cultura. Explantes cotiledonares de *ARR5::GUS* vindos de plântulas com 8 dias.

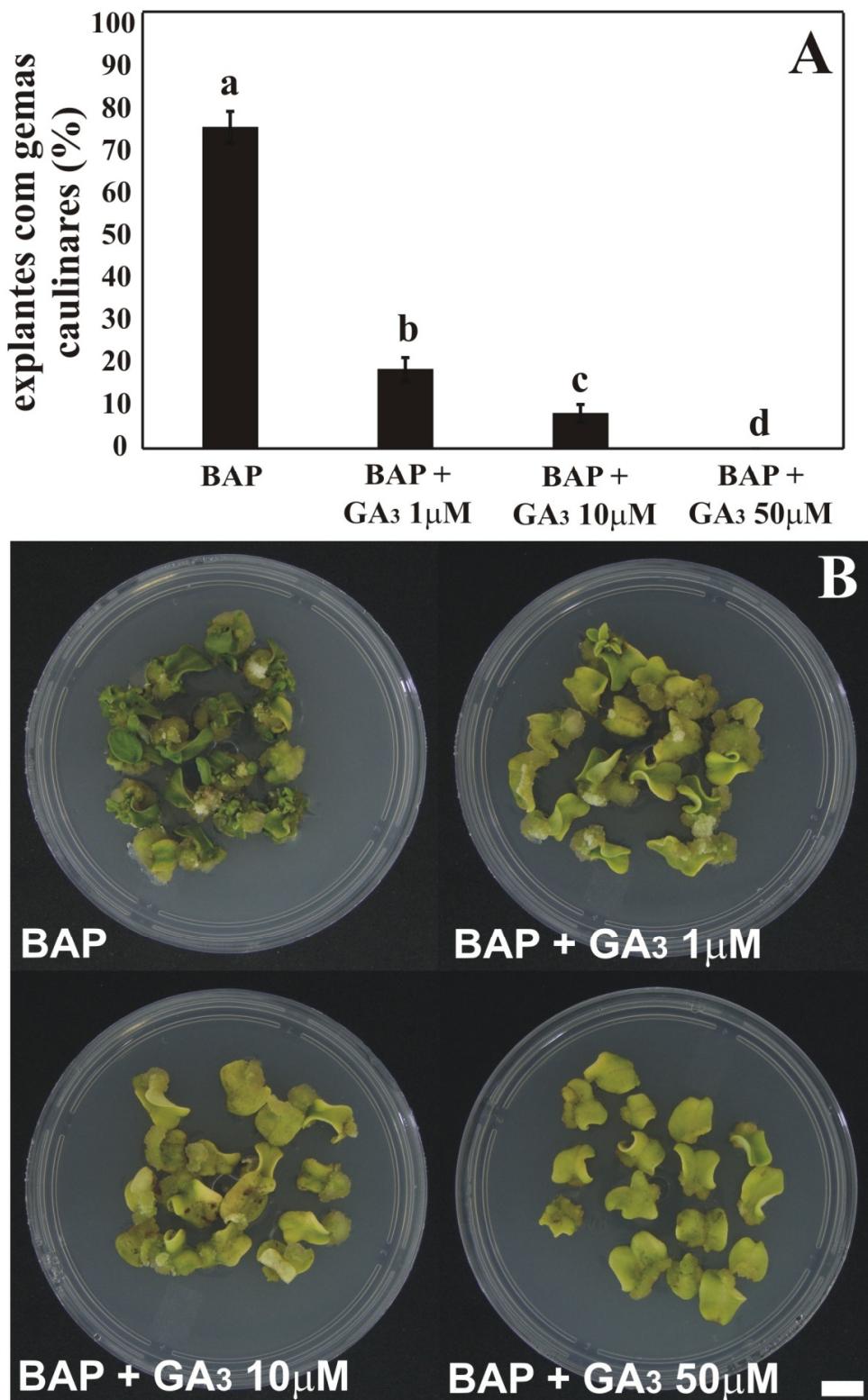


Figura 21 - Formação de gemas caulinares em explantes cotiledonares de MT com 5 μM de BAP e diferentes concentrações de giberelina. (A) Porcentagem de gemas caulinares formadas em cada um dos tratamentos. (B) Aspecto visual dos explantes após 21 dias de incubação. Os explantes cotiledonares foram obtidos a partir de plântulas com 8 dias. Barras de erro representam média \pm SE, n = 6. Cada repetição consiste em uma placa de Petri contendo 16 explantes. Diferentes letras indicam diferenças significativas pelo Teste Duncan a 5% de probabilidade.

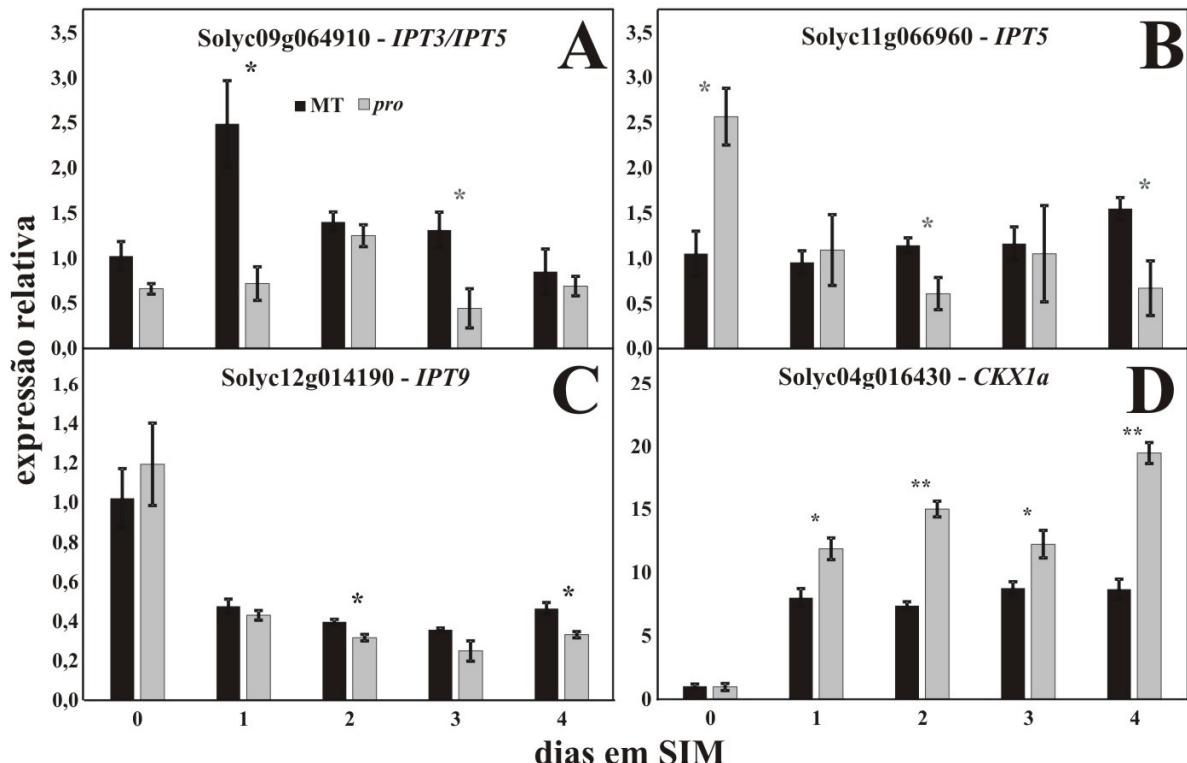


Figura 22 - Expressão relativa de genes relacionados com a biossíntese e degradação de citocinina em MT e MT-*pro*. Expressão relativa dos genes Solyc09g064910 – *IPT3/IPT5* (A), Solyc11g066960 – *IPT5* (B), Solyc12g014190 – *IPT9* (C) e Solyc04g016430 – *CKX1a* (D) em um *time course* em SIM I. O número de dias indica o período no qual os explantes permaneceram em SIM I. Os 2 primeiros dias em SIM I (A-E) representam o tempo necessário para a aquisição de competência para MT. Barras de Erro com *, ** e *** indicam diferenças significativas através do Teste de Duncan a 5%, 1% e 0,1% de probabilidade, respectivamente.

4.4 Conclusões

Ao analisar o mutante MT-*pro*, o qual possui resposta constitutiva à giberelina e reduz a formação de gemas caulinares e raízes, pôde-se verificar que ocorre um aumento na formação de calos *in vitro* em relação ao controle MT. Porém, este mutante não interfere no tempo de indução dos órgãos, embora interfira no balanço hormonal e na expressão de alguns genes já relacionados com a organogênese *in vitro*, podendo-se concluir que:

- ✓ O gene *CDCA7L* também apresenta expressão reduzida durante a fase de aquisição de competência no mutante MT-*Rg1*, quando comparado a MT, causando uma redução do número de células do protoxilema em divisão, observadas através de cortes anatômicos;

- ✓ Durante a fase de aquisição de competência, MT-*pro* apresenta um aumento na expressão do gene *WUS*, causando menor proliferação das *stem cells*, as quais não são induzidas a formar gemas caulinares ou raízes;
- ✓ MT-*pro* exibe menor formação de gemas caulinares durante a fase de indução devido a diminuição da concentração de citocininas, tanto pela influência negativa na expressão do gene *TKn2*, quanto pela influência positiva na degradação de citocininas através do gene *CKX1a*;

Portanto, a hipótese de que a redução da regeneração no mutante MT-*pro* seria causada pela influência negativa das giberelinas no metabolismo de citocininas, especificamente durante a fase de aquisição de competência para a organogênese *in vitro*, foi evidenciada pelos resultados apresentados.

5 CONSIDERAÇÕES FINAIS E NOVAS PERSPECTIVAS

Os cotilédones foram o principal tipo de explantes utilizados neste trabalho. Ao analisarmos os cotilédones de MT-*Rg1* e MT-*pro*, percebemos que MT-*Rg1* possui um maior número de camadas no parênquima paliçádico (Figura 7; LOMBARDI-CRESTANA et al., 2012) e que o duplo mutante MT-*Rg1-pro* também possui esse aumento do número de camadas (LOMBARDI-CRESTANA et al., 2012). Desta forma, pode-se sugerir que MT-*Rg1* possui um maior número de células, as quais poderão dar origem a novos órgãos *in vitro*. Também é interessante ressaltar que há um aumento das células em divisão do protoxilema em MT-*Rg1*, quando comparado a MT (Figura 7), sendo o padrão oposto observado em MT-*pro* (Figura 15). Estudos anatômicos mostraram que os polos de protoxilema formados durante as fases iniciais da organogênese *in vitro* de arábido (arabidopsis) dão origem às gemas caulinares (ATTA et al., 2009). Portanto esse aumento de células do protoxilema em MT-*Rg1* pode ser o responsável pelo aumento da regeneração em MT-*Rg1*. Para a comprovação desta hipótese, é necessário que sejam feitos estudos anatômicos com explantes cotiledonares em diferentes estágios de regeneração.

Os genes *CDCA7* e *LACIA* estão relacionados com a taxa de divisão celular das células do protoxilema, pois ambos têm a expressão aumentada na fase de aquisição de competência em MT-*Rg1* (Figura 6) e MT-*pro* tem um atraso do pico da expressão de *CDCA7*, quando comparado a MT (Figura 13). O aumento de expressão de *LACIA* parece ser um efeito indireto do aumento da regeneração de MT-*Rg1*, pois este gene é homólogo ao gene *LAC4* de arábido, o qual é necessário para a lignificação dos elementos do protoxilema (SCHUETZ et al., 2014). Portanto, o gene *CDCA7* levaria ao aumento da divisão celular e, portanto, do número de células do protoxilema, as quais necessitam da deposição de lignina, feita pelo aumento da expressão de *LACIA*, durante a fase de aquisição de competência da organogênese *in vitro*.

Com relação a divisão celular, MT-*pro* apresenta um aumento na expressão do gene *WUS*, quando comparado a MT (Figura 13), gene o qual, juntamente com *CLV3*, é responsável pela manutenção do meristema apical caulinar (BUSCH et al., 2010). Este aumento da expressão apenas em *WUS* parece ser similar ao encontrado no mutante *clv3*, no qual não há a inibição da expressão do gene *WUS* por ele, fazendo com que o domínio de expressão desse gene seja maior e as *stem cells* proliferem-se de forma inapropriada (ANDERSEN et al., 2008). Porém, mais informações poderão ser obtidas através da análise

da expressão dos genes *WUS* e *CLV3* em MT-*Rg1*, o qual deve possuir um balanço da expressão destes genes diferente de MT-*pro*.

Todas as alterações discutidas ocorrem na fase de aquisição de competência, já definidas para MT, MT-*Rg1* e MT-*pro* (Figuras 1 e 8). Porém, a fase da indução de gemas caulinares também é importante para a formação de gemas caulinares. A fase de indução é fortemente influenciada pelo balanço hormonal do meio de cultura utilizado (CHRISTIANSON; WARNICK, 1883; 1988; SKOOG; MILLER, 1957). MT-*Rg1* está relacionado à fase de aquisição de competência, pois aumenta tanto a formação de gemas caulinares quanto raízes (LOMBARDI-CRESTANA et al., 2012) e não está relacionado a diferenças nos níveis endógenos (BOITEN et al., 2004) ou sensibilidade a citocinina (LOMBARDI, 2008) e apresenta menor resposta avaliada pela expressão do promotor sintético *DR5::GUS*, quando comparado a MT (LOMBARDI-CRESTANA et al., 2012).

Entretanto, MT-*pro* não apresenta indução da expressão de *TKn2* durante a fase de indução de gemas caulinares, ao contrário de MT (Figura 13), levando a um efeito negativo no metabolismo de citocinina (JASINSKI et al., 2005). Em trabalhos anteriores, já foi sugerida a inibição da diferenciação celular induzida por citocinina através do hormônio giberelina em cultura de tecidos vegetais (FLICK et al., 1983). Além disso, MT-*pro* apresenta aumento da expressão do gene *CKX1a*, o qual é uma citocinina oxidase e atua na degradação das citocininas (WERNER et al., 2001; 2003), corroborando com a ideia de que a baixa formação de gemas caulinares em MT-*pro* pode ocorrer devido a redução na homeostase das citocininas.

Através da integração dos resultados obtidos neste trabalho e dos conhecimentos prévios da literatura, pode-se propor o modelo da Figura 24, o qual descreve o efeito dos mutantes MT-*Rg1* e MT-*pro* nas diferentes etapas da organogênese *in vitro*. Porém, diversas lacunas ainda precisam ser preenchidas e a clonagem do gene *RG1* torna-se necessária para que possa ser conhecida a sua identidade molecular, agregando-se novos conhecimentos a este modelo. Com o conhecimento da identidade molecular do gene *RG1*, também poderão ser analisados outros genes diferencialmente expressos através da análise do transcriptoma de MT e MT-*Rg1*, os quais preencherão diversas lacunas e trarão novos questionamentos para o estudo da organogênese *in vitro*.

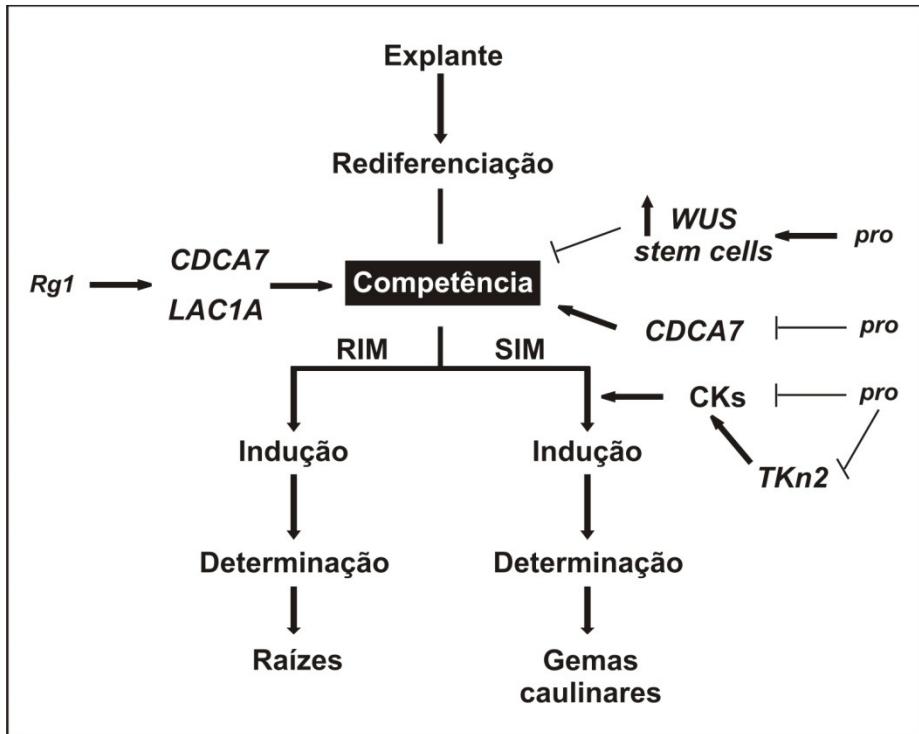


Figura 24 - Modelo proposto para a contribuição dos mutantes MT-pro e MT-Rg1 nas três fases da organogênese *in vitro* propostas por Christianson e Warnick (1988). Durante a aquisição de competência MT-pro tem efeito negativo, pois diminui a expressão do gene *CDCA7*, o qual influênciaria na divisão celular, e efeito positivo no gene *WUS*, causando uma proliferação inadequada das *stem cells*. Por outro lado, o mutante MT-Rg1 atua positivamente na fase de aquisição de competência e aumenta a expressão do gene *CDCA7* e do gene *LAC1A*, aumentando o número de células do protoxilema. Durante a indução, MT-pro influencia negativamente a expressão de *TKn2* e as concentrações endógenas de citocinina, fazendo com que haja uma menor indução de gemas caulinares. Adaptado de Lombardi-Crestana et al. (2012).

REFERÊNCIAS

- ACHARD, P. et al. Gibberellin signaling controls cell proliferation rate in arabidopsis. **Current Biology**, Cambridge, v. 19, n. 14, p. 1188–1193, 2009.
- AKAZAWA, T.; MITSUI, T.; HAYASHI, M. Recent progress in α -amylase biosynthesis. In: PREISS, J. (Ed.). **The biochemistry of plants**. A comprehensive treatise. Volume 14. Carbohydrates. New York: Academic Press, 1988. p. 465-492.
- AKIYOSHI, D. E. et al. T-DNA of Agrobacterium tumefaciens encodes an enzyme of cytokinin biosynthesis. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA**, Washington, DC, v. 81, n. 19, p. 5994–5998, 1984.
- ANDERSEN, S. U. et al. Requirement of B2-Type cyclin-dependent kinases for meristem integrity in *Arabidopsis thaliana*. **The Plant Cell**, Rockville, v. 20, n. 1, p. 88–100, 2008.
- ARGUESO, C. T.; RAINES, T.; KIEBER, J. J. Cytokinin signaling and transcriptional networks. **Current Opinion in Plant Biology**, London, v. 13, n. 5, p. 533–539, 2010.
- ARIGITA, L.; TAMÉS, R. S.; GONZÁLEZ, A. Ethylene biosynthesis and endogenous polyamines in relation to development of in vitro cultured kiwifruit explants. **Functional Plant Biology**, Collingwood, v. 31, n. 6, p. 603, 2004.
- ARIKITA, F. N. et al. Novel natural genetic variation controlling the competence to form adventitious roots and shoots from the tomato wild relative *Solanum pennellii*. **Plant Science**, Shannon, v. 199-200, p. 121–130, 2013.
- ARNAUD, N. et al. Gibberellins control fruit patterning in *Arabidopsis thaliana*. **Genes & Development**, Cold Spring Harbor, v. 24, p. 2127-2132, 2010.
- ATTA, R. et al. Pluripotency of Arabidopsis xylem pericycle underlies shoot regeneration from root and hypocotyl explants grown in vitro. **The Plant Journal**, Oxford, v. 57, n. 4, p. 626–644, 2009.
- AUER, C. A. et al. Endogenous cytokinin accumulation and cytokinin oxidase activity during shoot organogenesis of Petunia hybrida. **Physiologia Plantarum**, Kobenhavn, v. 105, n. 1, p. 141–147, 1999.
- AZEVEDO M. S. **Mapeamento e expressão gênica associada à fase de aquisição de competência organogênica em tomateiro (*Solanum lycopersicum* L. cv. Micro-Tom)**. 2012. 100 f. Dissertação (Mestrado em Ciências) – Centro de Energia Nuclear na Agricultura, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2012.
- BAO, W. et al. A laccase associated with lignification in loblolly pine xylem. **Science**, Washington, DC, v. 260, n. 5108, p. 672–674, 1993.
- BARLOW, P. W. The meristem and quiescent centre in cultured root apices of the gib-1 mutant of tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.). **Annals of Botany**, Oxford, v. 69, n. 6, p. 533-543, 1992.

BARRY, G. F. et al. Identification of a cloned cytokinin biosynthetic gene. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA**, Washington, DC, v. 81, n. 15, p. 4776–4780, 1984.

BAURLE, I.; LAUX, T. Apical meristems: the plant's fountain of youth: Review articles. **BioEssays**, Baltimore, v. 25, n. 10, p. 961–970, 2003.

BEN-GERA, H. et al. ENTIRE and GOBLET promote leaflet development in tomato by modulating auxin response: Role of GOBLET, ENTIRE and auxin in tomato leaf. **The Plant Journal**, Oxford, v. 70, n. 6, p. 903–915, 2012.

BENKOVÁ, E. et al. Local, Efflux-Dependent Auxin Gradients as a Common Module for Plant Organ Formation. **Cell**, Cambridge, v. 115, n. 5, p. 591–602, 2003.

BENSEN, R. J.; ZEEVAART, J. A. D. Comparison of Ent-kaurene synthetase A and B activities in cell-free extracts from young tomato fruits of wild-type and gib-1, gib-2, and gib-3 tomato plants. **Journal of Plant Growth Regulation**, New York, v. 9, n. 1-4, p. 237–242, 1990.

BERGER, Y. et al. The NAC-domain transcription factor GOBLET specifies leaflet boundaries in compound tomato leaves. **Development**, Cambridge, v. 136, p. 823–832, 2009.

BERTHET, S. et al. Disruption of LACCASE4 and 17 results in tissue-specific alterations to lignification of *Arabidopsis thaliana* stems. **The Plant Cell**, Rockville, v. 23, n. 3, p. 1124–1137, 2011.

BOITEN, H. et al. The Rg-1 encoded regeneration capacity of tomato is not related to an altered cytokinin homeostasis. **The New Phytologist**, London, v. 161, n. 3, p. 761–771, 2004.

BOLDUC, N.; HAKE, S. The maize transcription factor KNOTTED1 directly regulates the gibberellin catabolism gene ga2ox1. **The Plant Cell**, Rockville, v. 21, n. 6, p. 1647–1658, 2009.

BONNETT JUNIOR, H. T.; TORREY, J. G. Comparative anatomy of endogenous bud and lateral root formation in *Convolvulus arvensis* roots cultured *in vitro*. **American Journal of Botany**, Baltimore, v. 53, p. 496–507, 1966.

BOWMAN, J. L. The YABBY gene family and abaxial cell fate. **Current Opinion in Plant Biology**, London, v. 3, p. 17–22, 2000.

BOWMAN, J. L.; SMYTH, D. R. CRABS CLAW, a gene that regulates carpel and nectary development in *Arabidopsis*, encodes a novel protein with zinc finger and helix-loop-helix domains. **Development**, Cambridge, p. 126, v. 2387–2396, 1999.

BUECHEL, S. et al. Role of A-type ARABIDOPSIS RESPONSE REGULATORS in meristem maintenance and regeneration. **European Journal of Cell Biology**, Stuttgart, v. 89, n. 2-3, p. 279–284, 2010.

BUSCH, W. et al. Transcriptional Control of a Plant Stem Cell Niche. **Developmental Cell**, Cambridge, v. 18, n. 5, p. 841–853, 2010.

BYRNE, M. E.; SIMOROWSKI, J.; MARTIENSSEN, R. A. ASYMMETRIC LEAVES1 reveals knox gene redundancy in *Arabidopsis*. **Development**, Cambridge, v. 129, n. 8, p. 1957-1965, 2002.

CAMPOS, M. L. et al. Brassinosteroids interact negatively with jasmonates in the formation of anti-herbivory traits in tomato. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v. 60, n. 15, p. 4347-4361, 2009.

CAPITANI, F.; ALTAMURA, M. M. Exogenous Calcium Enhances the Formation of Vegetative Buds, Flowers and Roots in Tobacco Pith Explants Cultured in the Absence of Exogenous Hormones. **Plant Cell, Tissue and Organ Culture**, The Hague, v. 77, n. 1, p. 1-10, 2004.

CARVALHO, R. F. et al. Convergence of developmental mutants into a single tomato model system: “Micro-Tom” as an effective toolkit for plant development research. **Plant Methods**, London, v. 7, n. 1, p. 18, 2011.

CARY, A. J.; CHE, P.; HOWELL, S. H. Developmental events and shoot apical meristem gene expression patterns during shoot development in *Arabidopsis thaliana*. **The Plant Journal**, Oxford, v. 32, n. 6, p. 867-877, 2002.

CARY, A. et al. *Arabidopsis* mutants with increased organ regeneration in tissue culture are more competent to respond to hormonal signals. **Planta**, Berlin, v. 213, n. 5, p. 700-707, 2001.

CHATFIELD, S. P. et al. Incipient stem cell niche conversion in tissue culture: using a systems approach to probe early events in WUSCHEL-dependent conversion of lateral root primordia into shoot meristems. **The Plant Journal**, Oxford, v. 73, n. 5, p. 798-813, 2013.

CHENG, Z. J. et al. Pattern of Auxin and Cytokinin Responses for Shoot Meristem Induction Results from the Regulation of Cytokinin Biosynthesis by AUXIN RESPONSE FACTOR3. **Plant Physiology**, Rockville, v. 161, n. 1, p. 240-251, 2013.

CHEN, C. M.; PETSCHOW, B. Cytokinin Biosynthesis in Cultured Rootless Tobacco Plants. **Plant Physiology**, Rockville, v. 62, n. 6, p. 861-865, 1978.

CHEN, K. et al. Transcription Factor E2F-Associated Phosphoprotein (EAPP), RAM2/CDCA7L/JPO2 (R1), and Simian Virus 40 Promoter Factor 1 (Sp1) Cooperatively Regulate Glucocorticoid Activation of Monoamine Oxidase B. **Molecular Pharmacology**, Bethesda, v. 79, n. 2, p. 308-317, 2011.

CHEN, Y.; HAO, X.; CAO, J. Small auxin upregulated RNA (SAUR) gene family in maize: Identification, evolution, and its phylogenetic comparison with *Arabidopsis*, rice, and sorghum: SAUR gene family in maize. **Journal of Integrative Plant Biology**, Carlton South, Victoria, v. 56, n. 2, p. 133-150, 2014.

CHE, P. Gene Expression Programs during Shoot, Root, and Callus Development in *Arabidopsis* Tissue Culture. **Plant Physiology**, Rockville, v. 141, n. 2, p. 620-637, 2006.

CHE, P.; LALL, S.; HOWELL, S. H. Developmental steps in acquiring competence for shoot development in *Arabidopsis* tissue culture. **Planta**, Berlin, v. 226, n. 5, p. 1183–1194, 2007.

CHIBANI, K. et al. The chloroplastic thiol reducing systems: dual functions in the regulation of carbohydrate metabolism and regeneration of antioxidant enzymes, emphasis on the poplar redoxin equipment. **Photosynthesis Research**, The Hague, v. 104, n. 1, p. 75–99, 2010.

CHRISTIANSON, M. L.; WARNICK, D. A. Organogenesis *in vitro* as a developmental process. **HortScience**, St. Joseph, v. 23, p. 515-519, 1988.

CHRISTIANSON, M. L.; WARNICK, D. A. Temporal requirement for phytohormone balance in the control of organogenesis *in vitro*. **Developmental Biology**, San Diego, v. 112, p. 494–497, 1985.

CHRISTIANSON, M. L.; WARNICK, D. A. Competence and determination in the process of *in vitro* shoot organogenesis. **Developmental Biology**, San Diego, v. 101, p. 382-390, 1983.

CHUCK, G. KNAT1 Induces lobed leaves with ectopic meristems when overexpressed in *arabidopsis*. **The Plant Cell**, Rockville, v. 8, n. 8, p. 1277–1289, 1996.

CHUNG, H.-J. *Arabidopsis* Alcohol Dehydrogenase Expression in Both Shoots and Roots Is Conditioned by Root Growth Environment. **Plant Physiology**, Rockville, v. 121, n. 2, p. 429–436, 1999.

CID, L. P. B.; TEIXEIRA, J. B. Explante, meio nutritivo, luz, e temperatura. In: CID, L. P. B. (Ed.). **Cultivo *in vitro* de plantas**. Brasília, DF: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, 2014. p. 17-51.

COLLU, G. et al. Geraniol 10-hydroxylase 1 , a cytochrome P450 enzyme involved in terpenoid indole alkaloid biosynthesis. **FEBS Letters**, Amsterdam, v. 508, n. 2, p. 215–220, 2001.

CONG, B.; BARRERO, L. S.; TANKSLEY, S. D. Regulatory change in YABBY-like transcription factor led to evolution of extreme fruit size during tomato domestication. **Nature Genetics**, New York, v. 40, n. 6, p. 800–804, 2008.

COWLING, R. J. Gibberellin Dose-Response Regulation of GA4 Gene Transcript Levels in *Arabidopsis*. **Plant Physiology**, Rockville, v. 117, n. 4, p. 1195–1203, 1998.

D'AGOSTINO, I. B. Characterization of the Response of the *Arabidopsis* Response Regulator Gene Family to Cytokinin. **Plant Physiology**, Rockville, v. 124, n. 4, p. 1706–1717, 2000.

DALZIEL, J.; LAWRENCE, D. K. Biochemical and biological effects of kaurene oxidase inhibitors, such as paclobutrazol. In: MENHENETT, R.; LAWRENCE, D. K. (Ed.). **Biochemical aspects of synthetic and naturally occurring plant growth regulators**. London: British Plant Growth Regulator Group; Physico-chemical and Biophysical Panel of The Society of Chemical Industry, 1984. p. 43-57.

- DAVIÈRE, J.-M. et al. Class I TCP-DELLA Interactions in Inflorescence Shoot Apex Determine Plant Height. **Current Biology**, Cambridge, v. 24, n. 16, p. 1923–1928, 2014.
- DAVIS, T. D.; CURRY, E. A.; STEFFENS, G. L. Chemical regulation of vegetative growth. **Critical Reviews in Plant Sciences**, Boca Raton, v. 10, n. 2, p. 151–188, 1991.
- DEGANELLO, J. et al. Interaction of *Moniliophthora perniciosa* biotypes with Micro-Tom tomato: a model system to investigate the witches' broom disease of *Theobroma cacao*. **Plant Pathology**, New York, v. 63, n. 6, p. 1251–1263, 2014.
- DEL BIANCO, M.; GIUSTINI, L.; SABATINI, S. Spatiotemporal changes in the role of cytokinin during root development. **The New Phytologist**, London, v. 199, n. 2, p. 324–338, 2013.
- DE LUCAS, M. et al. A molecular framework for light and gibberellin control of cell elongation. **Nature**, London, v. 451, n. 7177, p. 480–484, 2008.
- DILL, A. The Arabidopsis F-Box protein SLEEPY1 targets gibberellin signaling repressors for gibberellin-induced. **The Plant Cell**, Rockville, v. 16, n. 6, p. 1392–1405, 2004.
- DOUGLAS, S. J. KNAT1 and ERECTA regulate inflorescence architecture in arabidopsis. **The Plant Cell**, Rockville, v. 14, n. 3, p. 547–558, 2002.
- DUBOS, C. et al. MYB transcription factors in Arabidopsis. **Trends in Plant Science**, Kidlington, v. 15, n. 10, p. 573–581, 2010.
- DUCLERCQ, J. et al. De novo shoot organogenesis: from art to science. **Trends in Plant Science**, Kidlington, v. 16, n. 11, p. 597–606, 2011.
- ELEUTHERIO, E. C. A.; ARAUJO, P. S.; PANEK, A. D. Protective Role of Trehalose during Heat Stress in *Saccharomyces cerevisiae*. **Cryobiology**, San Diego, v. 30, n. 6, p. 591–596, 1993.
- EL-SHOWK, S.; RUONALA, R.; HELARIUTTA, Y. Crossing paths: cytokinin signalling and crosstalk. **Development**, Cambridge, v. 140, n. 7, p. 1373–1383, 2013.
- EMMANUEL, E.; LEVY, A. A. Tomato mutants as tools for functional genomics. **Current Biology**, Cambridge, v. 5, p. 112–117, 2002.
- ENGSTROM, E. M. et al. Arabidopsis Homologs of the Petunia HAIRY MERISTEM Gene Are Required for Maintenance of Shoot and Root Indeterminacy. **Plant Physiology**, Rockville, v. 155, n. 2, p. 735–750, 2011.
- ENTSCH, B.; LETHAM, D. S. Enzymic glucosylation of the cytokinin, 6-benzylaminopurine. **Plant Science Letters**, Amsterdam, v. 14, n. 2, p. 205–212, 1979.
- EZURA, H.; HARBERD, N. Endogenous gibberellin levels influence in-vitro shoot regeneration in *Arabidopsis thaliana* (L.) Heynh. **Planta**, Berlin, v. 197, n. 2, p. 301–305, 1995.

EZURA, H.; YUHASHI, K.-I.; YASUTA, T.; MINAMISAWA, K. Effect of ethylene on Agrobacterium tumefaciens-mediated gene transfer to melon. **Plant Breeding**, London, v. 119, n. 1, p. 75–79, 2000.

FARIA, R. T.; ILLG, R. D. Inheritance of *in vitro* plant regeneration ability in the tomato. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 19, p. 113-116, 1996.

FENG, S. et al. Coordinated regulation of *Arabidopsis thaliana* development by light and gibberellins. **Nature**, London, v. 451, n. 7177, p. 475–479, 2008.

FERREIRA, M. E.; CALDAS, L. S.; PEREIRA, E. A. Aplicações da cultura de tecidos no melhoramento de plantas. In: TORRES, A. C.; CALDAS, L. S.; BUSO, J. A. **Cultura de tecidos e transformação genética de plantas**. Brasília, DF: EMBRAPA, CNPH, 1998. v. 1, p. 21-43.

FINCHER, G. B. Molecular and Cellular Biology Associated with Endosperm Mobilization in Germinating Cereal Grains. **Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology**, Palo Alto, v. 40, n. 1, p. 305–346, 1989.

FLICK, C.E., EVANS, D.E.; SHARP, W.R. Organogenesis. In: EVANS, D. A. et al. **Handbook of plant cell culture**. New York: Macmillan, 1983. v. 1, p. 13–81.

GABRIELE, S. et al. The Dof protein DAG1 mediates PIL5 activity on seed germination by negatively regulating GA biosynthetic gene AtGA3ox1: DAG1 represses seed germination via PIL5 signalling. **The Plant Journal**, Oxford, v. 61, n. 2, p. 312–323, 2009.

GALLEGOS-BARTOLOME, J. et al. Transcriptional Diversification and Functional Conservation between DELLA Proteins in *Arabidopsis*. **Molecular Biology and Evolution**, Chicago, v. 27, n. 6, p. 1247–1256, 2010.

GALLOIS, J.-L. *WUSCHEL* induces shoot stem cell activity and developmental plasticity in the root meristem. **Genes & Development**, Cold Spring Harbor, v. 18, n. 4, p. 375–380, 2004.

GALLOIS, J.-L. et al. Combined *SHOOT MERISTEMLESS* and *WUSCHEL* trigger ectopic organogenesis in *Arabidopsis*. **Development**, Cambridge, v. 129, p. 3207-3217, 2002.

GAMBORG, O. L.; MILLER, R. A.; OJIMA, K. Nutrient requirements of suspension cultures of soybean root cells. **Experimental Cell Research**, Orlando, v. 50, n. 1, p. 151–158, 1968.

GAN, S.; AMASINO, R. M. Inhibition of Leaf Senescence by Autoregulated Production of Cytokinin. **Science**, Washington, DC, v. 270, n. 5244, p. 1986–1988, 1995.

GAO, J.; HOFSTRA, G.; FLETCHER, R. A. Anatomical changes induced by triazoles in wheat seedlings. **Canadian Journal of Botany**, Ottawa, v. 66, n. 6, p. 1178–1185, 1988.

GASPAR, T. et al. A. Plant hormones and plant growth regulators in plant tissue culture. **In Vitro Cellular & Developmental Biology - Plant**, Columbia, v. 32, n. 4, p. 272–289, 1996.

GAUTHERET, R. J. Factors affecting differentiation of plant tissues grown in vitro. In: BEERMAN, W. (Ed.). **Cell differentiation and morphogenesis**. Amsterdam: North-Holland Publishing, 1966. p. 55-71.

GORDON, S. P. et al. Multiple feedback loops through cytokinin signaling control stem cell number within the *Arabidopsis* shoot meristem. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA**, Washington, DC, v. 106, n. 38, p. 16529–16534, 2009.

GORDON, S. P. et al. Pattern formation during de novo assembly of the *Arabidopsis* shoot meristem. **Development**, Cambridge, v. 134, p. 3539-3548, 2007.

GRATÃO, P. L. et al. Cadmium stress antioxidant responses and root-to-shoot communication in grafted tomato plants. **BioMetals**, Oxford, v. 28, n. 5, p. 803–816, 2015.

GREENBOIM-WAINBERG, Y. et al. Cross Talk between Gibberellin and Cytokinin: The *Arabidopsis* GA Response Inhibitor SPINDLY Plays a Positive Role in Cytokinin Signaling. **The Plant Cell**, Rockville, v. 17, n. 1, p. 92–102, 2005.

GRIFFITHS, J. et al. Genetic Characterization and Functional Analysis of the GID1 Gibberellin Receptors in *Arabidopsis*. **The Plant Cell**, Rockville, v. 18, n. 12, p. 3399–3414, 2006.

HABERER, G.; KIEBER, J. J. Cytokinins. New Insights into a Classic Phytohormone. **Plant Physiology**, Rockville, v. 128, n. 2, p. 354–362, 2002.

HAMZA, S.; CHUPEAU, Y. Re-evaluation of Conditions for Plant Regeneration and Agrobacterium-Mediated Transformation from Tomato (*Lycopersicon esculentum*). **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v. 44, n. 12, p. 1837–1845, 1993.

HWANG, I.; SHEEN, J. Two-component circuitry in *Arabidopsis* cytokinin signal transduction. **Nature**, London, v. 413, n. 6854, p. 383-389, 2001.

HARBERD, N. P.; BELFIELD, E.; YASUMURA, Y. The Angiosperm Gibberellin-GID1-DELLA Growth Regulatory Mechanism: How an “Inhibitor of an Inhibitor” Enables Flexible Response to Fluctuating Environments. **The Plant Cell**, Rockville, v. 21, n. 5, p. 1328–1339, 2009.

HARE, P. D.; VAN STADEN, J. Inhibitory effect of thidiazuron on the activity of cytokinin oxidase isolated from soybean callus. **Plant and Cell Physiology**, Tokyo, v. 35, n. 8, p. 1121-1125, 1994.

HAUVERMALE, A. L.; ARIIZUMI, T.; STEBER, C. M. Gibberellin Signaling: A Theme and Variations on DELLA Repression. **Plant Physiology**, Rockville, v. 160, n. 1, p. 83–92, 2012.

HEDDEN, P.; GRAEBE, J. E. Inhibition of gibberellin biosynthesis by paclobutrazol in cell-free homogenates of *Cucurbita maxima* endosperm and *Malus pumila* embryos. **Journal of Plant Growth Regulation**, New York, v. 4, n. 1-4, p. 111–122, 1985.

HEDDEN, P.; PHILLIPS, A. L. Gibberellin metabolism: new insights revealed by the genes. **Trends in Plant Science**, Kidlington, v. 5, n. 12, p. 523–530, 2000.

HEISLER, M. G. et al. Patterns of Auxin Transport and Gene Expression during Primordium Development Revealed by Live Imaging of the *Arabidopsis* Inflorescence Meristem. **Current Biology**, Cambridge, v. 15, n. 21, p. 1899–1911, 2005.

HICKS, G. S. Patterns of organ development in plant tissue culture and the problem of organ determination. **The Botanical Review**, New York, v. 46, n. 1, p. 1–23, 1980.

HICKS, G. S. Shoot induction and organogenesis *in vitro*: a developmental perspective. **In Vitro Cellular & Developmental Biology-Plant**, Columbia, v. 30, p. 10-15, 1994.

HIGGINS, C. F. ABC Transporters: From Microorganisms to Man. **Annual Review of Cell Biology**, Palo Alto, v. 8, n. 1, p. 67–113, 1992.

HIRAGA, S. A Large Family of Class III Plant Peroxidases. **Plant and Cell Physiology**, Tokyo, v. 42, n. 5, p. 462–468, 2001.

HÖFER, R. et al. Geraniol hydroxylase and hydroxygeraniol oxidase activities of the CYP76 family of cytochrome P450 enzymes and potential for engineering the early steps of the (seco)iridoid pathway. **Metabolic Engineering**, Brugge, v. 20, p. 221–232, 2013.

HONG, G.-J. et al. *Arabidopsis* MYC2 Interacts with DELLA Proteins in Regulating Sesquiterpene Synthase Gene Expression. **The Plant Cell**, Rockville, v. 24, n. 6, p. 2635–2648, 2012.

HOOLEY, R. Gibberellins: perception, transduction and responses. **Plant Molecular Biology**, Dordrecht, v. 26, n. 5, p. 1529–1555, 1994.

HOU, X. et al. DELLAS Modulate Jasmonate Signaling via Competitive Binding to JAZs. **Developmental Cell**, Cambridge, v. 19, n. 6, p. 884–894, 2010.

HUANG, A. Identification of a Novel c-Myc Protein Interactor, JPO2, with Transforming Activity in Medulloblastoma Cells. **Cancer Research**, Chicago, v. 65, n. 13, p. 5607–5619, 2005.

HUANG, S. Transgenic Studies on the Involvement of Cytokinin and Gibberellin in Male Development. **Plant Physiology**, Rockville, v. 131, n. 3, p. 1270–1282, 2003.

HUANG, Y.-W. et al. Physical wounding and ethylene stimulated embryogenic stem cell proliferation and plantlet regeneration in protocorm-like bodies of *Phalaenopsis* orchids. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 13, n. 4, p. 9543–9557, 2014.

IKEZAKI, M. et al. Genetic networks regulated by ASYMMETRIC LEAVES1 (AS1) and AS2 in leaf development in *Arabidopsis thaliana* : KNOX genes control five morphological events. **The Plant Journal**, Oxford, v. 61, n. 1, p. 70–82, 2010.

INOUE, T. et al. Identification of CRE1 as a cytokinin receptor from *Arabidopsis*. **Nature**, London, v. 409, n. 6823, p. 1060–1063, 2001.

- ISHIDA, K. et al. Three Type-B Response Regulators, ARR1, ARR10 and ARR12, Play Essential but Redundant Roles in Cytokinin Signal Transduction Throughout the Life Cycle of *Arabidopsis thaliana*. **Plant and Cell Physiology**, Tokyo, v. 49, n. 1, p. 47–57, 2008.
- JACOBSEN, J. V.; GUBLER, F.; CHANDLER, P. M. Gibberellin Action in Germinated Cereal Grains. In: DAVIES, P. J. (Org.). **Plant hormones**. Dordrecht: Springer, 1995. p. 246–271.
- JANG, G. et al. Volatile methyl jasmonate is a transmissible form of jasmonate and its biosynthesis is involved in systemic jasmonate response in wounding. **Plant Biotechnology Reports**, Tokyo, v. 8, n. 6, p. 409–419, 2014.
- JASINSKI, S. et al. KNOX Action in *arabidopsis* is mediated by coordinate regulation of cytokinin and gibberellin activities. **Current Biology**, Cambridge, v. 15, n. 17, p. 1560–1565, 2005.
- JASINSKI, S. et al. PROCERA encodes a DELLA protein that mediates control of dissected leaf form in tomato. **The Plant Journal**, Oxford, v. 56, p. 603–612, 2008.
- JOHNSON, J. R.; COBB, B. G.; DREW, M. C. Hypoxic induction of anoxia tolerance in roots of *Adh1* null *Zea mays* L. **Plant Physiology**, Rockville, v. 105, n. 1, p. 61–67, 1994.
- KAKIMOTO, T. Identification of Plant Cytokinin Biosynthetic Enzymes as Dimethylallyl Diphosphate:ATP/ADP Isopentenyltransferases. **Plant and Cell Physiology**, Tokyo, v. 42, n. 7, p. 677–685, 2001.
- KAKIMOTO, T. Perception and signal transduction of cytokinins. **Annual Review of Plant Biology**, Palo Alto, v. 54, n. 1, p. 605–627, 2003.
- KERBAUY, G. B. Competência e determinação celular em cultura de tecidos de plantas. In: TORRES, A. C. et al. **Cultura de tecidos e transformação de plantas**. Brasília, DF: EMBRAPA, CNPH, 1998. v. 2, p. 519–531.
- KIBA, T. The Type-A Response Regulator, ARR15, Acts as a Negative Regulator in the Cytokinin-Mediated Signal Transduction in *Arabidopsis thaliana*. **Plant and Cell Physiology**, Tokyo, v. 44, n. 8, p. 868–874, 2003.
- KIBA, T. Arabidopsis Response Regulator, ARR22, Ectopic Expression of Which Results in Phenotypes Similar to the *wol* Cytokinin-Receptor Mutant. **Plant and Cell Physiology**, Tokyo, v. 45, n. 8, p. 1063–1077, 2004.
- KIEBER, J. J. Tribute to Folke Skoog: Recent Advances in our Understanding of Cytokinin Biology. **Journal of Plant Growth Regulation**, New York, v. 21, n. 1, p. 1–2, 2002.
- KOCH, Kurt. Untersuchungen über den Quer-und Längstransport des Wuchsstoffes in Pflanzenorganen. **Planta**, Berlin, v. 22, n. 2, p. 190–220, 1934.
- KOORNNEEF, M. et al. Characterization and mapping of a gene controlling shoot regeneration in tomato. **The Plant Journal**, Oxford, v. 3, n. 1, p. 131–141, 1993.

KOORNNEEF, M.; HANHART, C. J.; MARTINELLI, L. A genetic analysis of cell culture traits in tomato. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlin, v. 74, n. 5, p. 633–641, 1987.

KOORNNEEF, M. et al. Breeding of a tomato genotype readily accessible to genetic manipulation. **Plant Science**, Shannon, v. 45, n. 3, p. 201–208, 1986.

KOPRIVA, S. et al. Interaction of sulfate assimilation with carbon and nitrogen metabolism in *Lemna minor*. **Plant Physiology**, Rockville, v. 130, n. 3, p. 1406-1413, 2002.

KRAUS, T. E.; FLETCHER, R. A. Paclobutrazol protects wheat seedlings from heat and paraquat injury. Is detoxification of active oxygen involved? **Plant and Cell Physiology**, Tokyo, v. 35, n. 1, p. 45-52, 1994.

KUNKEL, T. et al. Inducible isopentenyl transferase as a high-efficiency marker for plant transformation. **Nature Biotechnology**, New York, v. 17, n. 9, p. 916-919, 1999.

LANGE, T. Molecular biology of gibberellin synthesis. **Planta**, Berlin, v. 204, n. 4, p. 409–419, 1998.

LAUS, T. et al. The *WUSCHEL* gene is required for shoot and floral meristem integrity in *Arabidopsis*. **Development**, Cambridge, v. 122, p. 87-96, 1996.

LAUX, T. The stem cell concept in plants: a matter of debate. **Cell**, Cambridge, v. 113, p. 281–283, 2003.

LEMOS, E. E. P. Organogênese. In: CID, L. P. B. **Cultivo *in vitro* de plantas**. 3. ed. Brasília, DF: Embrapa Informação TECnológica, 2014. p. 105-124.

LENHARD, M.; JÜRGENS, G.; LAUX, T. The *WUSCHEL* and *SHOOTMERISTEMLESS* genes fulfill complementary roles in *Arabidopsis* shoot meristem regulation. **Development**, Cambridge, v. 129, p. 3195-3206, 2002.

LETHAM, D. S. et al. Regulators of cell division in plant tissues XXIX. The activities of cytokinin glucosides and alanine conjugates in cytokinin bioassays. **Journal of Plant Growth Regulation**, New York, v. 2, n. 1-4, p. 103–115, 1983.

LIMA, J. E. et al. Micro-MsK: a tomato genotype with miniature size, short life cycle, and improved in vitro shoot regeneration. **Plant Science**, Shannon, v. 167, n. 4, p. 753–757, 2004.

LINCOLN, C. A knotted1-like Homeobox Gene in *Arabidopsis* Is Expressed in the Vegetative Meristem and Dramatically Alters Leaf Morphology When Overexpressed in Transgenic Plants. **The Plant Cell**, Rockville, v. 6, n. 12, p. 1859–1876, 1994.

LIU, J. et al. WOX11 and 12 Are Involved in the First-Step Cell Fate Transition during de Novo Root Organogenesis in *Arabidopsis*. **The Plant Cell**, Rockville, v. 26, n. 3, p. 1081–1093, 2014.

LOMBARDI, S. P. **Estudo functional de um locus de regeneração (*Rg1*) vindo de *Solanum peruvianum*, uma espécie selvagem relacionada ao tomateiro.** 2008. 83 f. Tese (Doutorado em Ciências) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2008.

LOMBARDI-CRESTANA, S. et al. The tomato (*Solanum lycopersicum* cv. Micro-Tom) natural genetic variation *Rg1* and the DELLA mutant *procera* control the competence necessary to form adventitious roots and shoots. **Journal of experimental Botany**, v. 63, n. 15, p. 5689-5703, 2012.

LONG, J. A.; BARTON, M. K. The development of apical embryonic pattern in Arabidopsis. **Development**, Cambridge, v. 125, n. 16, p. 3027-3035, 1998.

LONG, J. A. et al. A member of the KNOTTED class of homeodomain proteins encoded by the STM gene of Arabidopsis. **Nature**, London, v. 379, n. 6560, p. 66-69, 1996.

MARTI, C. et al. Silencing of DELLA induces facultative parthenocarpy in tomato fruits. **The Plant Journal**, Oxford, v. 52, n. 5, p. 865-876, 2007.

MARTI, E. Genetic and physiological characterization of tomato cv. Micro-Tom. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v. 57, n. 9, p. 2037-2047, 2006.

MAURIAT, M.; SANDBERG, L. G.; MORITZ, T. Proper gibberellin localization in vascular tissue is required to control auxin-dependent leaf development and bud outgrowth in hybrid aspen: GA-dependent auxin transport in vascular tissue. **The Plant Journal**, Oxford, v. 67, n. 5, p. 805-816, 2011.

MAYER, K. F. et al. Role of WUSCHEL in Regulating Stem Cell Fate in the Arabidopsis Shoot Meristem. **Cell**, Cambridge, v. 95, n. 6, p. 805-815, 1998.

MEISSNER, R. et al. A new model system for tomato genetics. **The Plant Journal**, Oxford, v. 12, p. 1465-1472, 1997.

MELE, G. The knotted1-like homeobox gene BREVIPEDICELLUS regulates cell differentiation by modulating metabolic pathways. **Genes & Development**, Cold Spring Harbor, v. 17, n. 17, p. 2088-2093, 2003.

MENDES-DA-GLÓRIA, F. J.; MOURÃO FILHO, F. D. A. A.; APPEZZATO-DA-GLÓRIA, B. Morfologia de embriões nucelares de laranja 'valência' (*Citrus sinensis* (L.) Osbeck). **Acta Botanica Brasilica**, Porto Alegre, v. 15, n. 1, p. 17-25, 2001.

MENG, L.; ZHANG, S.; LEMAUX, P. G. Toward Molecular Understanding of In Vitro and In Planta Shoot Organogenesis. **Critical Reviews in Plant Sciences**, Boca Raton, v. 29, n. 2, p. 108-122, 2010.

MILLER, C. O. et al. Isolation, Structure and Synthesis of Kinetin, a Substance Promoting Cell Division 1,2. **Journal of the American Chemical Society**, Washington, DC, v. 78, n. 7, p. 1375-1380, 1956.

MOK, D. W.; MOK, M. C. **Cytokinins**. Chemistry, activity, and function. Boca Raton: CRC Press, 1994.

MOK, D. W.; MOK, M. C. Cytokinin Metabolism and Action. **Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology**, Palo Alto, v. 52, n. 1, p. 89–118, 2001.

MORRIS, J. K. A formaldehyde glutaraldehyde fixative of high osmolality for use in electron microscopy. **The Journal of Cell Biology**, New York, v. 27, n. 2, p. 137.

MOTTE, H. et al. The molecular path to in vitro shoot regeneration. **Biotechnology Advances**, Oxford, v. 32, n. 1, p. 107–121, 2014.

MOTTE, H. et al. CUC2 as an early marker for regeneration competence in *Arabidopsis* root explants. **Journal of Plant Physiology**, Stuttgart, v. 168, n. 13, p. 1598–1601, 2011.

MURASHIGE, T.; SKOOG, F. A Revised Medium for Rapid Growth and Bio Assays with Tobacco Tissue Cultures. **Physiologia Plantarum**, Kobenhavn, v. 15, n. 3, p. 473–497, 1962.

NADEAU, C. D. et al. Tissue-Specific Regulation of Gibberellin Biosynthesis in Developing Pea Seeds. **Plant Physiology**, Rockville, v. 156, n. 2, p. 897–912, 2011.

NAKAJIMA, M. et al. Identification and characterization of *Arabidopsis* gibberellin receptors. **The Plant Journal**, Oxford, v. 46, n. 5, p. 880–889, 2006.

NEMHAUSER, J. L.; HONG, F.; CHORY, J. Different Plant Hormones Regulate Similar Processes through Largely Nonoverlapping Transcriptional Responses. **Cell**, Cambridge, v. 126, n. 3, p. 467–475, 2006.

OLIVEIRA, G. P. **Convergência de vias de desenvolvimento: análise da capacidade de formar órgãos in vitro em mutantes de tomateiro afetando a arquitetura foliar**. 2015. 72 f. Dissertação (Mestrado em Ciências) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2015.

OLSZEWSKI, N.; SUN, T.-P.; GUBLER, F. Gibberellin signaling biosynthesis, catabolism, and response pathways. **The Plant Cell**, Rockville, v. 14, n. suppl 1, p. S61-S80, 2002.

OPPENHEIMER, D. G. et al. A myb gene required for leaf trichome differentiation in *Arabidopsis* is expressed in stipules. **Cell**, Cambridge, v. 67, n. 3, p. 483–493, 1991.

ORI, N. Leaf Senescence Is Delayed in Tobacco Plants Expressing the Maize Homeobox Gene knotted1 under the Control of a Senescence-Activated Promoter. **The Plant Cell**, Rockville, v. 11, n. 6, p. 1073–1080, 1999.

OZAWA, S. et al. Organogenic responses in tissue culture of srd mutants of *Arabidopsis thaliana*. **Development**, Cambridge, v. 125, n. 1, p. 135-142, 1998.

PAL, A. K.; ACHARYA, K.; AHUJA, P. S. Endogenous auxin level is a critical determinant for in vitro adventitious shoot regeneration in potato (*Solanum tuberosum* L.). **Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology**, New Delhi, v. 21, n. 2, p. 205–212, 2012.

- PARKER, C. W.; LETHAM, D. S. Regulators of cell division in plant tissues. XVI: Metabolism of zeatin by radish cotyledons and hypocotyls. **Planta**, Berlin, v. 114, n. 3, p. 199–218, 1973.
- PARNIS, A. The Dominant Developmental Mutants of Tomato, Mouse-ear and Curl, Are Associated with Distinct Modes of Abnormal Transcriptional Regulation of a Knotted Gene. **The Plant Cell**, Rockville, v. 9, n. 12, p. 2143–2158, 1997.
- PASSARDI, F.; PENEL, C.; DUNAND, C. Performing the paradoxical: how plant peroxidases modify the cell wall. **Trends in Plant Science**, Kidlington, v. 9, n. 11, p. 534–540, 2004.
- PENEL, C.; GASPAR, T.; GREPPIN, H. **Plant peroxidases, 1980-1990**. Topics and detailed literature on molecular, biochemical, and physiological aspects. Geneva: University of Geneva, 1992.
- PENG, J. et al. The Arabidopsis GAI gene defines a signaling pathway that negatively regulates gibberellin responses. **Genes & Development**, Cold Spring Harbor, v. 11, n. 23, p. 3194–3205, 1997.
- PERES, L. E. P.; KERBAUY, G. B. High cytokinin accumulation following root tip excision changes the endogenous auxin-to-cytokinin ratio during root-to-shoot conversion in *Catasetum fimbriatum* Lindl. (Orchidaceae). **Plant Cell Reports**, Berlin, v. 18, p. 1002-1006, 1999.
- PERES, L. E. P. Bases fisiológicas e genéticas da regeneração de plantas *in vitro*. **Revista Biotecnologia Ciência & Desenvolvimento**, Brasília, DF, v. 4, n. 25, p. 44-48, 2002.
- PERES, L. E. P. et al. Shoot regeneration capacity from roots and transgenic hairy roots of different tomato cultivars and wild related species. **Plant Cell, Tissue and Organ Culture**, The Hague, v. 65, p. 37-44, 2001.
- PERNISOVA, M. et al. Cytokinins modulate auxin-induced organogenesis in plants via regulation of the auxin efflux. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA**, Washington, DC, v. 106, n. 9, p. 3609–3614, 2009.
- PINO, L. E. et al. The *Rg1* allele as a valuable tool for genetic transformation of the tomato Micro-Tom model system. **Plant Methods**, London, v. 6, p. 23, 2010.
- PFAFFL, M. W. A new mathematical model for relative quantification in real-time RT-PCR. **Nucleic Acids Research**, Oxford, v. 29, p. 2002–2007, 2001.
- PRATT, L. H. et al. The phytochrome gene family in tomato (*Solanum lycopersicum* L.). **Plant, Cell and Environment**, Oxford, v. 20, n. 6, p. 672–677, 1997.
- RADEMACHER, W. Inhibitors of Gibberellin Biosynthesis: Applications in Agriculture and Horticulture. In: TAKAHASHI, N.; PHINNEY, B. O.; MacMILLAN, J. (Org.). **Gibberellins**. New York, NY: Springer, 1991. p. 296–310.

RADEMACHER, W. Growth Retardants: Effects on Gibberellin Biosynthesis and Other Metabolic Pathways. **Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology**, Palo Alto, v. 51, n. 1, p. 501–531, 2000.

RASHOTTE, A. M. et al. A subset of Arabidopsis AP2 transcription factors mediates cytokinin responses in concert with a two-component pathway. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA**, Washington, DC, v. 103, n. 29, p. 11081–11085, 2006.

RICHARDS, D. E. et al. How Gibberellin Regulates Plant Growth and Development: A Molecular Genetic Analysis of Gibberellin Signaling. **Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology**, Palo Alto, v. 52, n. 1, p. 67–88, 2001.

RIEFLER, M. Arabidopsis Cytokinin Receptor Mutants Reveal Functions in Shoot Growth, Leaf Senescence, Seed Size, Germination, Root Development, and Cytokinin Metabolism. **The Plant Cell**, Rockville, v. 18, n. 1, p. 40–54, 2006.

SAKAI, H. et al. Two-Component Response Regulators from Arabidopsis thaliana Contain a Putative DNA-Binding Motif. **Plant and Cell Physiology**, Tokyo, v. 39, n. 11, p. 1232–1239, 1998.

SAKAI, W. S. Simple Method for Differential Staining of Paraffin Embedded Plant Material Using Toluidine Blue O. **Stain Technology**, Baltimore, v. 48, n. 5, p. 247–249, 1973.

SAKAI, H. et al. ARR1, a transcription factor for genes immediately responsive to cytokinins. **Science**, Washington, DC, v. 294, n. 5546, p. 1519–1521, 2001.

SAKAKIBARA, H. et al. Agrobacterium tumefaciens increases cytokinin production in plastids by modifying the biosynthetic pathway in the host plant. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA**, Washington, DC, v. 102, n. 28, p. 9972–9977, 2005.

SALLAUD, C. et al. A Novel Pathway for Sesquiterpene Biosynthesis from Z,Z-Farnesyl Pyrophosphate in the Wild Tomato Solanum habrochaites. **The Plant Cell**, Rockville, v. 21, n. 1, p. 301–317, 2009.

SAMUELSON, M. E.; LARSSON, C.-M. Nitrate regulation of zeation riboside levels in barley roots: effects of inhibitors of N assimilation and comparison with ammonium. **Plant Science**, Shannon, v. 93, n. 1-2, p. 77–84, 1993.

SANCHEZ-FERNANDEZ, R. et al. The Arabidopsis thaliana ABC Protein Superfamily, a Complete Inventory. **The Journal of Biological Chemistry**, Baltimore, v. 276, n. 32, p. 30231–30244, 2001.

SANTOS, A. M. et al. An integrated strategy to identify key genes in almond adventitious shoot regeneration. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v. 60, n. 14, p. 4159–4173, 2009.

SAROJAM, R. et al. Differentiating Arabidopsis shoots from leaves by combined YABBY activities. **The Plant Cell**, Rockville, v. 22, p. 2113–2130, 2010.

- SASAKI, A. et al. Accumulation of phosphorylated repressor for gibberellin signaling in an F-box mutant. **Science**, Washington, DC, v. 299, n. 5614, p. 1896-1898, 2003.
- SCHMÜLLING, T. Cytokinin. **Encyclopedia of Biological Chemistry**, Amsterdam, p.562–567, 2004.
- SCHOOF, H. et al. The stem cell population of *Arabidopsis* shoot meristems is maintained by a regulatory loop between the *CLAVATA* and *WUSCHEL* genes. **Cell**, Cambridge, v. 100, p. 635–644, 2000.
- SCHUETZ, M. et al. Laccases Direct Lignification in the Discrete Secondary Cell Wall Domains of Protoxylem. **Plant Physiology**, Rockville, v. 166, n. 2, p. 798–807, 2014.
- SCHUMACHER, K. et al. The Lateral suppressor (Ls) gene of tomato encodes a new member of the VHIID protein family. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA**, Washington, DC, v. 96, p. 290-295, 1999.
- SEONG, E. S. et al. Silver nitrate and aminoethoxyvinylglycine affect Agrobacterium-mediated apple transformation. **Plant Growth Regulation**, The Hague, v. 45, n. 1, p. 75–82, 2005.
- SERRANI, J. C. et al. Effect of Gibberellin and Auxin on Parthenocarpic Fruit Growth Induction in the cv Micro-Tom of Tomato. **Journal of Plant Growth Regulation**, New York, v. 26, n. 3, p. 211–221, 2007.
- SESTARI, I. et al. Near-isogenic lines enhancing ascorbic acid, anthocyanin and carotenoid content in tomato (*Solanum lycopersicum* L. cv Micro-Tom) as a tool to produce nutrient-rich fruits. **Scientia Horticulturae**, Amsterdam, v. 175, p. 111–120, 2014.
- SHANMUGAVELU, K. G.; ARAVINDAKSHAN, K.; SATHIAMOORTHY, S. Diseases of banana. In: _____. (Ed.). **Banana: taxonomy, breeding and production technology**. New Delhi, India: Publishers Metropolitian, 1992. p. 381-382.
- SHARMA, S. D. Cryopreservation of somatic embryos – An overview. **Indian Journal of Biotechnology**, New Delhi, v. 4, p. 47-55, 2005.
- SHIBATA, D. Genome sequencing and functional genomics approaches in tomato. **Journal of General Plant Pathology**, Tokyo, v. 71, n. 1, p. 1–7, 2005.
- SILVA, G. F. F. et al. S. microRNA156-targeted SPL/SBP box transcription factors regulate tomato ovary and fruit development. **The Plant Journal**, Oxford, v. 78, n. 4, p. 604–618, 2014.
- SILVERSTONE, A. L. The *Arabidopsis* RGA Gene Encodes a Transcriptional Regulator Repressing the Gibberellin Signal Transduction Pathway. **The Plant Cell**, Rockville, v. 10, n. 2, p. 155–170, 1998.
- SKOOG, F.; MILLER, C. O. Chemical regulation of growth and organ formation in plant tissues cultured in vitro. **Symposia of the Society for Experimental Biology**, Cambridge, v. 11, p. 118-130, 1957.

SPICHAL, L. Two Cytokinin Receptors of *Arabidopsis thaliana*, CRE1/AHK4 and AHK3, Differ in their Ligand Specificity in a Bacterial Assay. **Plant and Cell Physiology**, Tokyo, v. 45, n. 9, p. 1299–1305, 2004.

SRISKANDARAJAH, S. et al. Regenerative Capacity of Cacti *Schlumbergera* and *Rhipsalidopsis* in Relation to Endogenous Phytohormones, Cytokinin Oxidase/Dehydrogenase, and Peroxidase Activities. **Journal of Plant Growth Regulation**, New York, v. 25, n. 1, p. 79–88, 2006.

STAVANG, J. A. Thermoperiodic Stem Elongation Involves Transcriptional Regulation of Gibberellin Deactivation in Pea. **Plant Physiology**, Rockville, v. 138, n. 4, p. 2344–2353, 2005.

STEVENS, A. M.; RICK, C. M. Genetics and breeding. In: ATHERTON, J. G.; RUDICK, J. (Ed.). **The tomato crop**: a scientific basis for improvement. New York: Chapman and Hall, 1986. p. 35-109.

STRNAD, M. The aromatic cytokinins. **Physiologia Plantarum**, Kobenhavn, v. 101, n. 4, p. 674–688, 1997.

STUURMAN, J.; JAGGI, F.; KUHLEMEIER, C. Shoot meristem maintenance is controlled by a GRAS-gene mediated signal from differentiating cells. **Genes & Development**, Cold Spring Harbor, v. 16, p. 2213–2218, 2002.

SUGIMOTO, K.; GORDON, S. P.; MEYEROWITZ, E. M. Regeneration in plants and animals: dedifferentiation, transdifferentiation, or just differentiation? **Trends in Cell Biology**, Cambridge, v. 21, n. 4, p. 212–218, 2011.

SUGIMOTO, K.; JIAO, Y.; MEYEROWITZ, E. M. Arabidopsis Regeneration from Multiple Tissues Occurs via a Root Development Pathway. **Developmental Cell**, Cambridge, v. 18, n. 3, p. 463–471, 2010.

SUGIMOTO, K.; MEYEROWITZ, E. M. Regeneration in *Arabidopsis* Tissue Culture. In: De SMET, I. (Org.). **Plant organogenesis**. Totowa, NJ: Humana Press, 2013. p. 265–275. (Methods in Molecular Biology, 959).

SUN, J. The *Arabidopsis AtIPT8/PGA22* Gene Encodes an Isopentenyl Transferase That Is Involved in De Novo Cytokinin Biosynthesis. **Plant Physiology**, Rockville, v. 131, n. 1, p. 167–176, 2003.

SUN, X.; JONES, W. T.; RIKKERINK, E. H. A. GRAS proteins: the versatile roles of intrinsically disordered proteins in plant signalling. **Biochemical Journal**, London, v. 442, n. 1, p. 1–12, 2012.

SU, Y.-H.; LIU, Y.-B.; ZHANG, X.-S. Auxin–Cytokinin Interaction Regulates Meristem Development. **Molecular Plant**, Oxford, v. 4, n. 4, p. 616–625, 2011.

TAKATSUKA, H.; UMEDA, M. Hormonal control of cell division and elongation along differentiation trajectories in roots. **Journal of Experimental Botany**, Oxford, v. 65, n. 10, p. 2633–2643, 2014.

TAKEI, K. Nitrogen-Dependent Accumulation of Cytokinins in Root and the Translocation to Leaf: Implication of Cytokinin Species that Induces Gene Expression of Maize Response Regulator. **Plant and Cell Physiology**, Tokyo, v. 42, n. 1, p. 85–93, 2001.

TAKEI, K.; SAKAKIBARA, H.; SUGIYAMA, T. Identification of Genes Encoding Adenylate Isopentenyltransferase, a Cytokinin Biosynthesis Enzyme, inArabidopsis thaliana. **The Journal of Biological Chemistry**, Baltimore, v. 276, n. 28, p. 26405–26410, 2001.

TESTERINK, C.; MUNNIK, T. Phosphatidic acid: a multifunctional stress signaling lipid in plants. **Trends in Plant Science**, Kidlington, v. 10, n. 8, p. 368–375, 2005.

TOMATO GENOME CONSORTIUM. The tomato genome sequence provides insights into fleshy fruit evolution. **Nature**, London, v. 485, n. 7400, p. 635-641, 2012.

TOHGE, T. et al. Ectopic expression of snapdragon transcription factors facilitates the identification of genes encoding enzymes of anthocyanin decoration in tomato. **The Plant Journal**, Oxford, v. 83, n. 4, p. 686–704, 2015.

TONG, H. N. et al. DWARF AND LOW-TILLERING, a new member of the GRAS family, plays positive roles in brassinosteroid signaling in rice. **The Plant Journal**, Oxford, v. 58, p. 803–816, 2009.

TORRES, A. C.; CALDAS, L. S.; BUSO, J. A. **Cultura de tecidos e transformação genética de plantas**. Brasília, DF: EMBRPA, CNPH, 1998. 864 p.

TO, J. P. C. Type-A Arabidopsis Response Regulators Are Partially Redundant Negative Regulators of Cytokinin Signaling. **The Plant Cell**, Rockville, v. 16, n. 3, p. 658–671, 2004.

TO, J. P. C.; KIEBER, J. J. Cytokinin signaling: two-components and more. **Trends in Plant Science**, Kidlington, v. 13, n. 2, p. 85–92, 2008.

TO, J. P. C. et al. Cytokinin Regulates Type-A Arabidopsis Response Regulator Activity and Protein Stability via Two-Component Phosphorelay. **The Plant Cell**, Rockville, v. 19, n. 12, p. 3901–3914, 2007.

TRAAS, J.; MONEGER, F. Systems Biology of Organ Initiation at the Shoot Apex. **Plant Physiology**, Rockville, v. 152, n. 2, p. 420–427, 2010.

TRAN, L.-S. P. et al. Functional analysis of AHK1/ATHK1 and cytokinin receptor histidine kinases in response to abscisic acid, drought, and salt stress in Arabidopsis. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA**, Washington, DC, v. 104, n. 51, p. 20623–20628, 2007.

TUNDIS, R. et al. Biological and Pharmacological Activities of Iridoids: Recent Developments. **Mini-Reviews in Medicinal Chemistry**, Hilversum, v. 8, n. 4, p. 399–420, 2008.

UEGUCHI-TANAKA, M. et al. GIBBERELLIN INSENSITIVE DWARF1 encodes a soluble receptor for gibberellin. **Nature**, London, v. 437, n. 7059, p. 693-698, 2005.

ULMASOV, T. Aux/IAA Proteins Repress Expression of Reporter Genes Containing Natural and Highly Active Synthetic Auxin Response Elements. **The Plant Cell**, Rockville, v. 9, n. 11, p. 1963–1971, 1997.

VALVEKENS, D.; MONTAGU, M. V.; LIJSEBETTENS, M. V. Agrobacterium tumefaciens-mediated transformation of *Arabidopsis thaliana* root explants by using kanamycin selection. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA**, Washington, DC, v. 85, n. 15, p. 5536–5540, 1988.

VAN LAERE, A. Trehalose, reserve and/or stress metabolite? **FEMS Microbiology Letters**, Amsterdam, v. 63, n. 3, p. 201–209, 1989.

VENGLAT, S. P. et al. The homeobox gene BREVIPEDICELLUS is a key regulator of inflorescence architecture in *Arabidopsis*. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA**, Washington, DC, v. 99, n. 7, p. 4730–4735, 2002.

VERDEIL, J. et al. Pluripotent versus totipotent plant stem cells: dependence versus autonomy? **Trends in Plant Science**, Kidlington, v. 12, n. 6, p. 245–252, 2007.

VERRIER, P. J. et al. Plant ABC proteins – a unified nomenclature and updated inventory. **Trends in Plant Science**, Kidlington, v. 13, n. 4, p. 151–159, 2008.

VICENTE, A. R. et al. Cell wall disassembly events in boysenberry (*Rubus idaeus* L. *Rubus ursinus* Cham. & Schldl.) fruit development. **Functional Plant Biology**, Collingwood, v. 34, n. 7, p. 614, 2007.

VOGT, T.; JONES, P. Glycosyltransferases in plant natural product synthesis: characterization of a supergene family. **Trends in Plant Science**, Kidlington, v. 5, n. 9, p. 380–386, 2000.

VOLLBRECHT, E.; REISER, L.; HAKE, S. Shoot meristem size is dependent on inbred background and presence of the maize homeobox gene, knotted1. **Development**, Cambridge, v. 127, n. 14, p. 3161–3172, 2000.

WANG, J.-W. Control of Root Cap Formation by MicroRNA-Targeted Auxin Response Factors in *Arabidopsis*. **The Plant Cell**, Rockville, v. 17, n. 8, p. 2204–2216, 2005.

WANG, Z.-G. et al. Determination of novel nitrogen-containing metabolite after oral administration of swertiamarin to rats. **Journal of Asian Natural Products Research**, Newark, v. 14, n. 2, p. 176–181, 2012.

WEISS, D.; ORI, N. Mechanisms of Cross Talk between Gibberellin and Other Hormones. **Plant Physiology**, Rockville, v. 144, n. 3, p. 1240–1246, 2007.

WERNER, T. Cytokinin-Deficient Transgenic *Arabidopsis* Plants Show Multiple Developmental Alterations Indicating Opposite Functions of Cytokinins in the Regulation of Shoot and Root Meristem Activity. **The Plant Cell**, Rockville, v. 15, n. 11, p. 2532–2550, 2003.

- WERNER, T. et al. Regulation of plant growth by cytokinin. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA**, Washington, DC, v. 98, n. 18, p. 10487–10492, 2001.
- WHITE, P. R. Potentially unlimited growth of excised tomato root tips in a liquid medium. **Plant Physiology**, Rockville, v. 9, n. 3, p. 585–600, 1934.
- WIEMKEN, A. Trehalose in yeast, stress protectant rather than reserve carbohydrate. **Antonie van Leeuwenhoek**, Wageningen, v. 58, n. 3, p. 209–217, 1990.
- WITCHARD, M. Paclobutrazol Is Phloem Mobile in Castor Oil Plant (*Ricinus communis* L.). **Journal of Plant Growth Regulation**, New York, v. 16, n. 4, p. 215–217, 1997.
- XU, C. et al. A cascade of arabinosyltransferases controls shoot meristem size in tomato. **Nature Genetics**, New York, v. 47, n. 7, p. 784–792, 2015.
- YAMADA, T. et al. Ancestral expression patterns and evolutionary diversification of YABBY genes in angiosperms: Evolution of YABBYs in angiosperms. **The Plant Journal**, Oxford, v. 67, n. 1, p. 26–36, 2011.
- YANAI, O. et al. Arabidopsis KNOXI Proteins Activate Cytokinin Biosynthesis. **Current Biology**, Cambridge, v. 15, n. 17, p. 1566–1571, 2005.
- YANG, D.-L. et al. Plant hormone jasmonate prioritizes defense over growth by interfering with gibberellin signaling cascade. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA**, Washington, DC, v. 109, n. 19, p. E1192–E1200, 2012.
- YANG, S. et al. Investigation of cytokinin-deficient phenotypes in *Arabidopsis* by ectopic expression of orchid DSCKX1. **FEBS Letters**, Amsterdam, v. 555, n. 2, p. 291–296, 2003.
- YANG, X.; ZHANG, X. Regulation of Somatic Embryogenesis in Higher Plants. **Critical Reviews in Plant Sciences**, Boca Raton, v. 29, n. 1, p. 36–57, 2010.
- YASUTAMI, I. et al. Isolation of temperature-sensitive mutants of *Arabidopsis thaliana* that are defective in the redifferentiation of shoots. **Plant Physiology**, Rockville, v. 105, p. 815–822, 1994.
- ZHANG, Z.-L. et al. SCARECROW-LIKE 3 promotes gibberellin signaling by antagonizing master growth repressor DELLA in *Arabidopsis*. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA**, Washington, DC, v. 108, n. 5, p. 2160–2165, 2011.
- ZHAO, Q. et al. LACCASE Is Necessary and Nonredundant with PEROXIDASE for Lignin Polymerization during Vascular Development in *Arabidopsis*. **The Plant Cell**, Rockville, v. 25, n. 10, p. 3976–3987, 2013.
- ZHAO, X. Y. et al. Differences in capacities of in vitro organ regeneration between two *Arabidopsis* ecotypes Wassilewskija and Columbia. **Plant Cell, Tissue and Organ Culture**, The Hague, v. 112, n. 1, p. 65–74, 2011.
- ZIMMERMANN, M. J. Embriogênese somática. In: CID, L. P. B. **Cultivo in vitro de plantas**. 3. ed. Brasília, DF: Embrapa Informação Técnica, 2014. p. 17-51.

APÊNDICE

Apêndice A - Tabela S1. Genes diferencialmente expressos em MT-*Rg1* e MT em análises de transcriptoma (plataforma SOLiD 3). As análises foram realizadas utilizando-se explantes cotiledonares vindos de plântulas com 8 dias de idade, cultivados em RIM (1 dia). Os parâmetros utilizados para a seleção dos genes foram: número de *reads* ≥ 10 ; *p value* $\leq 0,005$ e *fold change* ≥ 2 and ≤ -2 . A expressão dos genes realçados foi validada por análises de qRT-PCR. O *Fold Change* indica a expressão do gene em MT-*Rg1* comparada a expressão do gene em MT. “+∞” indica que o gene foi expresso apenas em MT-*Rg1*. O aceso do SGN representa o número de acesso encontrado no site do SOL GENOMICS NETWORK (<https://solgenomics.net/>).

Feature ID	Fold Change (original values)	P-value	Description
Solyc04g015390.2.1	+	3.28E-08	Os06g0724200 protein (Fragment) (AHRD_V1 ***_Q0D9E9_ORYSJ)
Solyc07g062210.2.1	+	3.28E-08	Os06g0207500 protein (Fragment) (AHRD_V1 ***_Q0DD09_ORYSJ); contains Interpro domain(s) IPR004253 Protein of unknown function DUF231, plant
Solyc11g011630.1.1	+	3.28E-08	Auxin-induced SAUR-like protein (AHRD_V1 ***_Q8S348_CAPAN); contains Interpro domain(s) IPR003676 Auxin responsive SAUR protein
Solyc01g108860.2.1	+	3.28E-08	1-amino cyclopropane-1-carboxylate oxidase (AHRD_V1 ***_ACCO_MUSAC); contains Interpro domain(s) IPR005123 Oxoglutarate and iron-dependent oxygenase
Solyc10g085090.1.1	+	3.28E-08	Laccase 1a (AHRD_V1 ***_NG_B9IG56_POPTR); contains Interpro domain(s) IPR017761 Laccase
Solyc08g013960.1.1	+	1.01E-07	Unknown Protein (AHRD_V1)
Solyc01g098540.2.1	+	4.84E-07	Unknown Protein (AHRD_V1)
Solyc10g076220.1.1	+	4.84E-07	Peroxidase 1 (AHRD_V1 ***_A0SWU6_SESRO); contains Interpro domain(s) IPR002016 Haem peroxidase, plant/fungal/bacterial
Solyc12g007020.1.1	+	4.89E-07	cDNA clone J033084B06 full insert sequence (AHRD_V1 ***_B7ESP0_ORYSJ); contains Interpro domain(s) IPR010341 Protein of unknown function DUF936, plant Cytokinin riboside 5&pos;-monophosphate phosphoribohydrolase LOG (AHRD_V1 ***_LOG_ORYSJ); contains Interpro domain(s) IPR005269 Conserved hypothetical 6.21E-07 protein CHP00730
Solyc05g042130.1.1	+	7.4E-07	Zinc knuckle containing protein (AHRD_V1 ***_Q2A9N0_BRAOL)
Solyc03g045020.2.1	+	1.3E-06	Aromatic L-amino acid decarboxylase (AHRD_V1 ***_A6BM84_ROSDA); contains Interpro domain(s) IPR010977 Aromatic-L-amino-acid decarboxylase
Solyc02g079550.1.1	+	1.41E-06	Serine/threonine kinase receptor (AHRD_V1 ***_Q7DM55_BRANA); contains Interpro domain(s) IPR002290 Serine/threonine protein kinase
Solyc03g079970.1.1	+	1.66E-06	Unknown Protein (AHRD_V1)
Solyc05g042140.1.1	+	2.01E-06	Unknown Protein (AHRD_V1); contains Interpro domain(s) IPR001878 Zinc finger, CCHC-type
Solyc04g071820.2.1	+	2.15E-06	Cytochrome P450
Solyc04g051180.1.1	+	2.92E-06	Integral membrane protein (AHRD_V1 ***_B6U6B5_MAIZE); contains Interpro domain(s) IPR008217 Protein of unknown function DUF125, transmembrane
Solyc02g080350.1.1	+	5.14E-06	Pentatricopeptide repeat-containing protein (AHRD_V1 ***_D7KUG5_ARALY); contains Interpro domain(s) IPR002885 Pentatricopeptide repeat
Solyc07g065400.2.1	+	5.22E-06	Mitochondrial import inner membrane translocase subunit TIM50-C (AHRD_V1 ***_D3TQJ3_GLOMM); contains Interpro domain(s) IPR004274 NLI interacting factor
Solyc06g068180.2.1	+	5.38E-06	Unknown Protein (AHRD_V1)
Solyc01g081040.2.1	+	5.82E-06	RING finger protein (AHRD_V1 ***_C6EUD3_SOYBN); contains Interpro domain(s) IPR018957 Zinc finger, C3HC4 RING-type
Solyc08g077000.1.1	+	8.18E-06	Ramosa1 C2H2 zinc-finger transcription factor (AHRD_V1 ***_D0UTY6_ZEAMM); contains Interpro domain(s) IPR007087 Zinc finger, C2H2-type
Solyc03g114380.2.1	+	1.07E-06	Kinesin family protein (AHRD_V1 ***_C5FSE4_NANOT); contains Interpro domain(s) IPR001752 Kinesin, motor region
Solyc06g034030.2.1	+	1.12E-05	Myb family transcription factor (AHRD_V1 ***_Q2A9N2_BRAOL); contains Interpro domain(s) IPR006447 Myb-like DNA-binding region, SHAQKY class
Solyc11g056460.1.1	+	1.17E-05	Unknown Protein (AHRD_V1)
Solyc12g039170.1.1	+	1.34E-05	Unknown Protein (AHRD_V1)
Solyc04g039910.1.1	+	1.35E-05	12-oxophytodienoate reductase 1 (AHRD_V1 ***_D7KTW1_ARALY); contains Interpro domain(s) IPR001155 NADH:flavin oxidoreductase/NADH oxidase, N-terminal #Solyc10g076530.1.1_Receptor_like_protein_kinase_At3g21340_(AHRD_V1 ***_
Solyc10g076530.1.1	+	1.35E-05	_RLK6_ARATH)_contains_Interpro_domain(s) IPR002290_Serine/threonine_protein_kinase
Solyc12g070160.1.1	+	1.35E-05	#Solyc12g070160.1.1_Transposon_Ty1-BR_Gag-Pol_polyprotein_(AHRD_V1 ***_YB12B_YEAST)_contains_Interpro_domain(s) IPR001584_Integrase_catalytic_core #Solyc04g080480.1.1_AMP-dependent_synthetase_and_ligase_(AHRD_V1 ***_D6ZEF9_SEGKD)_contains_Interpro_domain(s) IPR000873_AMP-
Solyc04g080480.1.1	+	1.66E-05	dependent_synthetase_and_ligase
Solyc06g034310.2.1	+	1.66E-05	#Solyc06g034310.2.1_Transposase_(Fragment)_(_AHRD_V1 ***_Q0GJX6_9POAL)
Solyc06g061080.2.1	+	1.66E-05	#Solyc06g061080.2.1_NAC-domain_transcription_factor_(AHRD_V1 ***_
Solyc01g060100.2.1	+	1.66E-05	D3WFN6_WHEAT); contains_Interpro_domain(s) IPR003441_No_apical_meristem_(NAM)_protein
Solyc02g090330.2.1	+	1.66E-05	#Solyc01g060100.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc02g090330.2.1	+	1.66E-05	#Solyc02g090330.2.1_Autophagy-related_protein_101_(AHRD_V1 ***_
Solyc02g090330.2.1	+	1.66E-05	_ATG1_XENLA)_contains_Interpro_domain(s) IPR012445_Protein_of_unknown_function_DUF1649
Solyc10g079320.1.1	+	1.91E-05	#Solyc10g079320.1.1_Glucosyltransferase_5_(AHRD_V1 ***_Q8S9A4_PHAAN)_contains_Interpro_domain(s) IPR002213_UDP-glucuronosyl/UDP-glucosyltransferase
Solyc05g051740.2.1	+	1.98E-05	#Solyc02g078720.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc02g087440.2.1	+	2.64E-05	#Solyc02g087440.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc07g056180.1.1	+	2.69E-05	#Solyc07g056180.1.1_LRPF_class_disease_resistance_protein_(AHRD_V1 ***_D5L9G3_ORYSJ)
Solyc09g009810.1.1	+	2.69E-05	#Solyc09g009810.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc08g014430.2.1	+	2.78E-05	#Solyc08g014430.2.1_Formin_3_(AHRD_V1 ***_DQ0AN4_ARATH)_contains_Interpro_domain(s) IPR015425_Actin-binding_FH2
Solyc09g008380.2.1	+	2.99E-05	#Solyc09g008380.2.1_Pectate_lyase-like_protein_(AHRD_V1 ***_Q56XU8_ARATH)_contains_Interpro_domain(s) IPR002022_Pectate_lyase/Amb_allergen
Solyc02g078720.2.1	+	3.22E-05	#Solyc02g078720.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc04g045570.2.1	+	3.5E-05	#Solyc04g045570.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc07g005380.2.1	+	3.5E-05	#Solyc07g005380.2.1_Pathogenesis-related-(PR)-10-related_noroclaurine_synthase-like_protein_(AHRD_V1 ***_C3SB55_ESCCA)_contains_Interpro_domain(s) IPR000916_Bet_v_I_allergen
Solyc09g098120.2.1	+	3.5E-05	#Solyc09g098120.2.1_DUF1264_domain_protein_(AHRD_V1 ***_
Solyc03g115710.1.1	+	3.5E-05	B8NL6_ASFPN)_contains_Interpro_domain(s) IPR010686_Protein_of_unknown_function_DUF1264
Solyc12g062830.1.1	+	3.76E-05	#Solyc12g062830.1.1_Copia-type_polypolyprotein-like_(AHRD_V1 ***_Q9LH08_ARATH)
Solyc06g07730.1.1	+	3.9E-05	#Solyc06g07730.1.1_Pentatricopeptide_repeat-containing_protein_(AHRD_V1 ***_
Solyc09g063110.1.1	+	3.9E-05	D7L1Q2_ARALY)_contains_Interpro_domain(s) IPR002885_Pentatricopeptide_repeat
Solyc04g045560.2.1	+	4.51E-05	#Solyc04g045560.2.1_Squamosa_promoter-binding_like_protein_11_(AHRD_V1 ***_
Solyc02g093760.2.1	+	4.64E-05	#Solyc02g093760.2.1_Tripartite_motif-containing_25_(AHRD_V1 ***_Q6P7B3_RAT)_contains_Interpro_domain(s) IPR018957_Zinc_finger_C3HC4_RING-type
Solyc03g031430.1.1	+	5.04E-05	#Solyc03g031430.1.1_Urease_accessory_protein_UreF_(AHRD_V1 ***_
Solyc03g071750.2.1	+	5.04E-05	#Solyc03g071750.2.1_Protein_kinase_3_(AHRD_V1 ***_D3BKW3_POLPA)_contains_Interpro_domain(s) IPR015746_Protein_Kinase-1_3-
Solyc03g071750.2.1	+	5.04E-05	5-phosphoinositide-dependent
Solyc03g118180.2.1	+	5.04E-05	#Solyc03g118180.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)_contains_Interpro_domain(s) IPR003105_SRA-YDG
Solyc05g041840.1.1	+	5.04E-05	#Solyc05g041840.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc05g046270.2.1	+	5.04E-05	#Solyc05g046270.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc08g07550.1.1	+	5.04E-05	#Solyc08g007550.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc09g005530.2.1	+	5.04E-05	NAD-dependent_epimerase/dehydratase_(AHRD_V1 ***_Q39VQ9_GEOMG)_contains_Interpro_domain(s) IPR016040_NAD(P)-binding_domain
Solyc09g011620.1.1	+	5.04E-05	#Solyc09g011620.1.1_Glutathione_S-transferase-like_protein_(AHRD_V1 ***_A8DUB0_SOLLC)_contains_Interpro_domain(s) IPR004046_Glutathione-S-transferase_C-terminal
Solyc12g049460.1.1	+	5.04E-05	#Solyc12g049460.1.1_Actin_related_protein_(AHRD_V1 ***_B9GHJ8_POPTR)_contains_Interpro_domain(s) IPR004000_Actin/actin-like
Solyc01g079100.2.1	+	5.67E-05	#Solyc01g079100.2.1_Palmitoyltransferase_era2_(AHRD_V1 ***_C5F21_NANOT)_contains_Interpro_domain(s) IPR01594_Zinc_finger_DHHC-type
Solyc04g081810.2.1	+	5.69E-05	#Solyc04g081810.2.1_Subtilisin-like_protease_(AHRD_V1 ***_Q9ZSP5_ARATH)_contains_Interpro_domain(s) IPR015500_Peptidase_S8_subtilisin-related
Solyc08g065300.2.1	+	6.61E-05	#Solyc08g065300.2.1_Mutator-like_transposase_(AHRD_V1 ***_Q9FW81_ORYSJ)_contains_Interpro_domain(s) IPR004332_Transposase_MuDR_plant
Solyc09g098460.1.1	+	6.7E-05	#Solyc09g098460.1.1_Lipase_(Fragment)_(_AHRD_V1 ***_D3BKW1_DIACA)_contains_Interpro_domain(s) IPR002639_Urease_accessory_protein_UreF
Solyc06g011420.1.1	+	6.7E-05	#Solyc06g011420.1.1_Gag-Pol_polyprotein_(AHRD_V1 ***_B8LY4_MEDTR)
Solyc09g056110.1.1	+	6.7E-05	#Solyc09g056110.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc10g08000.1.1	+	7E-05	Light-dependent_short_hypocotyls_1_(AHRD_V1 ***_
Solyc07g06210.1.1	+	7.07E-05	D7M6V0_ARALY)_contains_Interpro_domain(s) IPR006936_Protein_of_unknown_function_DUF640
Solyc06g07070.2.1	+	7.77E-05	#Solyc06g07070.2.1_Genomic_DNA_chromosome_5_TAC_clone_K19B1_(AHRD_V1 ***_Q9FJJ1_ARATH)
Solyc03g123710.2.1	+	8.76E-05	#Solyc03g123710.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc04g05320.2.1	+	9.3E-05	#Solyc04g05320.2.1_MADS-box_transcription_factor_(AHRD_V1 ***_Q8S4L4_SOLLC)_contains_Interpro_domain(s) IPR002100_Transcription_factor_MADS-box
Solyc12g010710.1.1	+	9.75E-05	#Solyc12g010710.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc01g102720.2.1	+	0.000117	#Solyc01g102720.2.1_START_domain_containing_10_(Fragment)_(_AHRD_V1 ***_Q52L1_MOUSE)_contains_Interpro_domain(s) IPR002913_Lipid-binding_START
Solyc03g006230.1.1	+	0.000117	#Solyc03g006230.1.1_Integral_membrane_protein_TmpA_(AHRD_V1 ***_B8N2M4_ASFPN)
Solyc04g077180.1.1	+	0.000142	#Solyc04g077180.1.1_Potential_lipid_particle_serine_esterase_(AHRD_V1 ***_
Solyc11g030740.1.1	+	0.000143	#Solyc11g030740.1.1_aposchromoapos_domain_containing_protein_(AHRD_V1 ***_Q6L3Q3_SOLDE)_contains_Interpro_domain(s) IPR000953_Chromo_domain
Solyc06g073000.2.1	+	0.00015	#Solyc06g073000.2.1_Thaumatin-like_protein_(AHRD_V1 ***_Q9FLU2_ARATH)_contains_Interpro_domain(s) IPR001938_Thaumatin_pathogenesis-related
Solyc07g074390.1.1	+	0.00015	#Solyc07g074390.1.1_Endochitinase_(Chitinase)_(_AHRD_V1 ***_
Solyc05g055570.1.1	+	0.00015	#Solyc05g055570.1.1_Zinc_finger_family_protein_(AHRD_V1 ***_D7LCM9_ARALY)
Solyc11g069880.1.1	+	0.000156	#Solyc11g069880.1.1_Ripening-related_protein_3_(AHRD_V1 ***_RIP3_ORYSJ)_contains_Interpro_domain(s) IPR009009_Barwin-related_endoglycanase
Solyc05g024500.2.1	+	0.000179	#Solyc05g024500.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc10g08670.2.1	+	0.000179	#Solyc10g08670.2.1_Malonyl_CoA_anthocyanin_5-O-glucoside-6-aposapatosap-O-malonyltransferase_(AHRD_V1 ***_
Solyc04g006300.1.1	+	0.000184	#Solyc04g006300.1.1_3-oxo-5-alpha-steroid_4-dehydrogenase_C-terminal
Solyc06g076910.1.1	+	0.000184	#Solyc06g076910.1.1_Receptor_like_kinase_RLK
Solyc05g009410.1.1	+	0.000192	#Solyc05g009410.1.1_tRNA_dimethylallyltransferase_(AHRD_V1 ***_D3L997_OENOE)_contains_Interpro_domain(s) IPR002627_tRNA_isopentenyltransferase

Solyc03g058500.1.1	+	0.000197 #Solyc03g058500.1.1_RabGAP/TBC_domain-containing_protein_(AHRD_V1_***_D7LWE7_ARALY)
Solyc07g053250.2.1	+	0.000197 #Solyc07g053250.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001810_Cyclin-like_F-box
Solyc03g033350.2.1	+	0.000199 #Solyc03g033350.2.1_Asparyl_protease_family_protein_(AHRD_V1_***_D7LTT7_ARALY)
Solyc06g006110.2.1	+	0.000199 #Solyc06g006110.2.1_Calcium/proton_exchanger_(AHRD_V1_***_O59940_NEURC)_contains_Interpro_domain(s)_IPR004713_Calcium/proton_exchanger
Solyc10g007560.1.1	+	0.000199 #Solyc10g007560.1.1_Giberellin_2-oxidase_3_(AHRD_V1_***_A4URE8_TOBAC)
Solyc12g096180.1.1	+	0.000213 induced_1 #Solyc07g044750.2.1_ATPase_BadF/BadG/BcrA/BcrD-type_family_(AHRD_V1_***_
Solyc07g044750.2.1	+	0.000231 _D7KFL2_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002731_ATPase_BadF/BadG/BcrA/BcrD_type #Solyc07g064410.1.1_Ubiquitin-conjugating_enzyme-like_protein_(AHRD_V1_***_A4HBP2_LEIBR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR019547_Kua-
Solyc07g064410.1.1	+	0.000231 ubiquitin_conjugating_enzyme_hybrid_localisation #Solyc02g086580.2.1_ATP-dependent_DNA_helicase_MER3_(AHRD_V1_***_C5FL91_NANOT)_contains_Interpro_domain(s)_IPR011545_DNA/RNA_helicase_DEAD/DEAH_box_type_N-terminal
Solyc02g086580.2.1	+	0.000233
Solyc02g061950.2.1	+	0.000236 #Solyc02g061950.2.1_C17orf95_protein_(Fragment)_(AHRD_V1_***_Q8N712_HUMAN)_contains_Interpro_domain(s)_IPR019410_Methyltransferase-16_putative
Solyc01g098420.1.1	+	0.00025 #Solyc01g098420.1.1_Receptor-like_protein_kinase_At5g59670_(AHRD_V1_***_RLK7_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000719_Protein_kinase_core
Solyc08g077070.2.1	+	0.000261 #Solyc08g077070.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1) #Solyc06g005980.2.1_Antranilate_synthase_component_I
Solyc06g005980.2.1	+	0.000278 1_(AHRD_V1_***_B4F8P4_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR019999_Antranilate_synthase_component_I_C-terminal
Solyc03g083770.1.1	+	0.000281 #Solyc03g083770.1.1_Pectinesterase_(AHRD_V1_***_C0P8T8_PICS1)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006501_Pectinesterase_inhibitor
Solyc09g083310.1.1	+	0.000282 #Solyc09g083310.1.1_Zinc_finger_family_protein_(AHRD_V1_***_D7LC67_ARALY)
Solyc06g005910.2.1	+	0.000282 #Solyc06g005910.2.1_Tubulin_beta_chain_(AHRD_V1_***_B9GW9_BOPTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002453_Beta_tubulin #Solyc11g045390.1.1_FAD_Linked_oxidase_family_protein_(AHRD_V1_***_D7LZS0_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR004113_FAD-linked_oxidase_C-terminal
Solyc11g045390.1.1	+	0.000295
Solyc09g009310.1.1	+	0.000304 #Solyc09g009310.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)_contains_Interpro_domain(s)_IPR005174_Protein_of_unknown_function_DUF295
Solyc07g063910.2.1	+	0.000311 #Solyc07g063910.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc04g039830.1.1	+	0.000349 #Solyc04g039830.1.1_Acetyl-CoA_carboxylase_beta_subunit_(AHRD_V1_***_Q06R56_9LAMI)
Solyc02g093600.2.1	+	0.00035 #Solyc02g093600.2.1.class_1_heat_shock_protein_(AHRD_V1_***_Q69B17_CARPA)_contains_Interpro_domain(s)_IPR008978_HSP20-like_chaperone #Solyc01g091760.2.1_Ethylene_responsive_transcription_factor_2a_(AHRD_V1_***_C0J917_9ROSA)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001471_Pathogenesis
Solyc01g091760.2.1	+	0.000354 related_transcriptional_factor_and_ERF_DNA-binding
Solyc11g018510.1.1	+	0.00036 #Solyc11g018510.1.1_8-oxoguanine-DNA_glycosylase_1_(AHRD_V1_***_D7KKT4_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR011257_DNA_glycosylase #Solyc08g016770.2.1_Decarboxylase_family_protein_(AHRD_V1_***_A7GHE9_CLOBL)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002129_Pyridoxal_phosphate-dependent_decarboxylase
Solyc08g016770.2.1	+	#Solyc06g075050.1.1_Carbonic_anhydrase_(Carbonate_dehydratase)_(AHRD_V1_***_C0QR55_PERMH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR018340_Carbonic_anhydrase_CAH1-like
Solyc03g118480.2.1	+	#Solyc03g118480.2.1_Cell_division_cycle_associated_7_(AHRD_V1_***_A2AR40_MOUSE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR018866_Cell_division_cycle-associated_protein
Solyc08g077760.2.1	+	0.00044 #Solyc08g077760.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc01g033980.2.1	+	0.000448 #Solyc01g033980.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc12g099300.1.1	+	0.00046 #Solyc12g099300.1.1_Genesh_protein_60_(AHRD_V1_***_Q1ZY19_BETVU)_contains_Interpro_domain(s)_IPR004158_Protein_of_unknown_function_DUF247_plant
Solyc10g052650.1.1	+	0.000502 #Solyc10g052650.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc02g079600.2.1	+	0.000504 #Solyc02g079600.2.1_Receptor-like_protein_kinase_(AHRD_V1_***_Q9M575_ORYSA)
Solyc03g093350.2.1	+	0.000529 #Solyc03g093350.2.1_RNA-binding_protein_39_(AHRD_V1_***_RBM39_PONAB)_contains_Interpro_domain(s)_IPR012677_Nucleotide-binding_alpha-beta_plait
Solyc10g039210.2.1	+	0.000529 #Solyc10g039210.2.1_Cytchrome_P450
Solyc08g014590.1.1	+	0.000537 #Solyc08g014590.1.1_Yc2_(AHRD_V1_***_A6Y9V5_CERJA)
Solyc03g007340.2.1	+	0.000543 #Solyc03g007340.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1) #Solyc09g014230.1.1_Peptide_transporter_(AHRD_V1_***_O48542_HORVU)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000109_TGF-
Solyc09g014230.1.1	+	0.000581 beta_receptor_type_I/II_extracellular_region #Solyc09g078570.1.1_Pentatricopeptide_repeat-containing_protein_(AHRD_V1_***_
Solyc08g078570.1.1	+	0.000585 #D7MP46_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002885_Pentatricopeptide_repeat #Solyc08g080490.2.1_2S_albumin_seed_storage_protein_(Fragment)_(AHRD_V1_***_
Solyc08g080490.2.1	+	0.000608 _Q7Y1C2_JUGNI)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003612_Plant_lipid_transfer_protein/seed_storage/trypsin-alpha_amylase_inhibitor
Solyc03g097080.2.1	+	0.000608 #Solyc03g097080.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006525_Cystatin-related_plant
Solyc12g008430.1.1	+	0.000701 #Solyc12g008430.1.1_MalE_enzyme_(AHRD_V1_***_Q066Q0_TOBAC)_contains_Interpro_domain(s)_IPR012302_Malic_enzyme_NAD-binding #Solyc04g054150.1.1_Nuclear_transcription_factor_Y_subunit_B-
Solyc04g054150.1.1	+	0.000737 3_(AHRD_V1_***_B6SUG8_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003957_Transcription_factor_CBFA/NFYB_DNA_topoisomerase #Solyc02g084200.1.1_Zinc_finger_CCCH_domain-containing_protein_6_(AHRD_V1_***_C3H6_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000571_Zinc_finger_CCCH-type
Solyc02g084200.1.1	+	0.000801 type
Solyc04g077840.2.1	+	0.000803 #Solyc04g077840.2.1_F-box/kelch-repeat_protein_At5g43190_(AHRD_V1_***_FK119_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001810_Cyclin-like_F-box
Solyc02g071910.1.1	+	0.000833 #Solyc02g071910.1.1_Aquaporin_Z-water_channel_protein_(AHRD_V1_***_D3H7H5_STRM6)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000425_Major_intrinsic_protein #Solyc09g064900.1.1_AAAT_Pase-containing_von_Willebrand_factor_type_A_(AHRD_V1_***_B6THL9_MAIZE)
Solyc07g054670.2.1	+	#Solyc07g054670.2.1_NADH_dehydrogenase_like_protein_(AHRD_V1_***_O65414_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR013027_FAD-dependent_pyridine_nucleotide-disulphide_oxidoreductase
Solyc06g009810.2.1	+	0.001059 #Solyc06g009810.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1) #Solyc01g057880.1.1_Utp1_protease_family_C-terminal_catalytic_domain-containing_protein_(AHRD_V1_***_
Solyc01g057880.1.1	+	0.001082 _Q6D046_SOLDE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003653_Peptidase_C48_SUMO/Sentrin/Ubl1
Solyc03g043670.1.1	+	0.001136 #Solyc03g043670.1.1_Transposon_Ty1-BL_Gag-Pol_polyprotein_(AHRD_V1_***_YB11B YEAST)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001584_Integrase_catalytic_core #Solyc12g014420.1.1_Glucan_endo-1,3-beta-glucosidase_A6_(AHRD_V1_***_
Solyc12g014420.1.1	+	0.001148 _B6T1F7_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR004490_Glycoside_hydrolase_family_17
Solyc06g074140.1.1	+	0.001163 #Solyc06g074140.1.1_U_box_domain-containing_protein_24_(AHRD_V1_***_D7LAS1_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003613_U_box_domain
Solyc01g098510.2.1	+	0.001167 #Solyc01g098510.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1) #Solyc09g047910.2.1_Lysine_ketoglutarate_reductase_trans-splicing_related_1-like_(AHRD_V1_***_
Solyc09g047910.2.1	+	0.001322 _Q5JLN0 ORYSJ)_contains_Interpro_domain(s)_IPR007877_Protein_of_unknown_function_DUF707 #Solyc01g080550.1.1_Inosine_uridine_prefering_nucleoside_hydrolase_family_protein_(AHRD_V1_***_D7LY15_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001910_Inosine/uridine-prefering_nucleoside_hydrolase
Solyc01g080550.1.1	+	0.001558 preferring_nucleoside_hydrolase #Solyc11g005970.1.1_Pentatricopeptide_repeat-containing_protein_(AHRD_V1_***_
Solyc11g005970.1.1	+	0.001559 _D7L4A8_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002885_Pentatricopeptide_repeat #Solyc09g057540.2.1_Homeodomain-containing_transcription_factor_FWA_(AHRD_V1_***_B5BQ01_ARASU)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002913_Lipid-binding_START
Solyc09g057540.2.1	+	0.001574
Solyc07g064990.2.1	+	0.001726 like_protein_(AHRD_V1_***_Q8LAR1_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR005299_SAM_dependent_carboxyl_methyltransferase #Solyc03g119210.1.1_Lipid_transfer_protein_(AHRD_V1_***_
Solyc03g119210.1.1	+	0.001789 _Q41258_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR013770_Plant_lipid_transfer_protein_and_hydrophobic_protein_helical
Solyc05g009230.1.1	+	0.001928 #Solyc05g009230.1.1_MYB_transcription_factor_(AHRD_V1_***_O9C9G7_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR015495_Myb_transcription_factor
Solyc03g070380.2.1	+	0.002057 #Solyc03g070380.2.1_Methyl_jasmonate_esterase_(AHRD_V1_***_Q56SE1_SOOLTU)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000073_Alpha/beta_hydrolase_fold-1 #Solyc11g018660.1.1_NAC_domain_protein_IPR003441_(AHRD_V1_***_
Solyc11g018660.1.1	+	0.002063 _B9MW79_POPTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003441_No_apical_meristem_(NAM)_protein #Solyc05g013540.1.1_Ethylene_responsive_transcription_factor_ERF086_(AHRD_V1_***_D7LXW6_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001471_Pathogenesis
Solyc05g013540.1.1	+	0.002138 related_transcriptional_factor_and_ERF_DNA-binding
Solyc07g016160.2.1	+	0.002235 #Solyc07g016160.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc06g035630.1.1	+	0.002363 #Solyc06g035630.1.1_GRAS_family_transcription_factor_(AHRD_V1_***_B9f7E1_POPTR)
Solyc08g023340.2.1	+	0.002386 #Solyc08g023340.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc03g082780.1.1	+	0.00262 #Solyc03g082780.1.1_LRR_receptor_like_serine/threonine-protein_kinase_RLP #Solyc03g045010.1.1_Aromatic_L-amino_acid_decarboxylase_(AHRD_V1_***_A6BM85_ROSHC)_contains_Interpro_domain(s)_IPR015422_Pyridoxal_phosphate-dependent_transfase_major_region_subdomain_2
Solyc03g045010.1.1	+	0.002641 dependent_transfase_major_region_subdomain_2 #Solyc12g014630.1.1_Cortical_cell-delining_protein_(AHRD_V1_***_
Solyc12g014630.1.1	+	0.002831 _B6U43G_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR013770_Plant_lipid_transfer_protein_and_hydrophobic_protein_helical #Solyc09g011570.2.1_Glutathione_S-transferase-like_protein_(AHRD_V1_***_A8DUB0_SOLLC)_contains_Interpro_domain(s)_IPR004046_Glutathione_S-C-terminal
Solyc09g011570.2.1	+	0.003433 transferase_C-terminal
Solyc09g075590.1.1	+	0.003564 #Solyc09g075590.1.1_Receptor_like_kinase_RLK
Solyc03g111120.2.1	+	0.003763 #Solyc03g111120.2.1_Malate_synthase_(AHRD_V1_***_B9RAK0_RICCO)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001465_Malate_synthase
Solyc06g042980.2.1	+	0.003943 #Solyc06g042980.2.1_Genomic_DNA_chromosome_3_P1_clone_MMF12_(AHRD_V1_***_Q9LHK2_ARATH)
Solyc03g111060.2.1	+	0.004646 #Solyc03g111060.2.1_3-oxoacyl-reductase_(AHRD_V1_***_B6THT6_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002198_Short-chain_dehydrogenase/reductase_SDR
Solyc06g059740.2.1	39,26508	2,63E-05 inc-containing
Solyc01g079630.2.1	34,23243	0,001679 #Solyc01g079630.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1) #Solyc06g069550.1.1_UDP-D-glucose_dehydrogenase_(AHRD_V1_***_D2WK27_GOSH1)_contains_Interpro_domain(s)_IPR014028_UDP-glucose/GDP-
Solyc06g069550.1.1	32,34585	0,001186 mannose_dehydrogenase_dimerisation_and_substrate-binding

Solyc03g112590.2.1	27,08664	0,000224 #Solyc03g112590.2.1_Cell_division_protease_ftsH_homolog_(AHRD_V1_***_FTSH_ODSO)_contains_Interpro_domain(s)_IPR005938_ATPase_AAA-type_CDC48
Solyc05g010060.2.1	26,91824	0,000453 #Solyc05g010060.2.1_Xenotropic_and_polytropic_retrovirus_receptor_(AHRD_V1_***_B2GU54_XENTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR004342_EXS_C-terminal #Solyc1g010220.1.1_Pentatricopeptide_repeat-containing_protein_(AHRD_V1_***_)
Solyc1g010220.1.1	25,78786	0,001944 _D7M3D7_ARALY_contains_Interpro_domain(s)_IPR002885_Pentatricopeptide_repeat
Solyc02g077700.1.1	24,44241	0,00012 #Solyc02g077700.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc01g106310.2.1	23,04444	0,000487 #Solyc01g106310.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc07g042950.1.1	22,85326	0,000183 #Solyc07g042950.1.1_Kelch_repeat-containing_F-box_family_protein_(AHRD_V1_***_D7KDP2_ARALY) #Solyc1g088490.2.1_Pentatricopeptide_repeat-containing_protein_(AHRD_V1_***_)
Solyc01g088490.2.1	22,77319	0,000446 _D7KDP2_ARALY_contains_Interpro_domain(s)_IPR002885_Pentatricopeptide_repeat
Solyc10g081290.1.1	20,04742	0,002196 #Solyc10g081290.1.1_Splicing_factor_3B_subunit_1_(AHRD_V1_***_C9SI41_VERA1)_contains_Interpro_domain(s)_IPR016024_Armadillo-type_fold #Solyc03g078060.2.1_Dehydration-responsive_family_protein_(AHRD_V1_***_)
Solyc03g078060.2.1	19,8818	0,00408 _D7KDP2_ARALY_contains_Interpro_domain(s)_IPR004159_Protein_of_unknown_function_DUF248_methyltransferase_putative #Solyc07g006730.2.1_Multidrug_resistance_protein_mdtr_(AHRD_V1_***_)
Solyc07g006730.2.1	18,697	0,000455 _MDTR_CITK81_contains_Interpro_domain(s)_IPR015521_MATE_family_transporter_related_protein
Solyc09g092580.2.1	18,436	0,001601 #Solyc09g092580.2.1_Cytochrome_P450
Solyc09g014240.2.1	18,22686	0,000167 #Solyc09g014240.2.1_Laccase_1a_(AHRD_V1_***_B9G56_POPTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR017761_Laccase
Solyc09g007220.1.1	16,95773	0,002614 #Solyc09g007220.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001810_Cyclin-like_F-box #Solyc04g082740.2.1
Solyc04g082740.2.1	16,7324	0,000995 #Solyc04g082740.2.1_Heat_shock_protein-like_protein_(AHRD_V1_***_Q84KAT_CUCME)_contains_Interpro_domain(s)_IPR008978_HSP20-like_chaperone
Solyc04g014990.1.1	15,57092	0,001043 #Solyc04g014990.1.1_Glucosyltransferase_(AHRD_V1_***_Q2VA65_SOYBN)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002213_UDP-glucuronosyl/UDP-glucosyltransferase
Solyc03g093840.1.1	15,44515	0,002512 #Solyc03g093840.1.1_UvrD_helicase_(AHRD_V1_***_D9V51_HORVD)
Solyc08g066320.2.1	15,12931	0,00251 #Solyc08g066320.2.1_Receptor_like_kinase_RLK #Solyc12g049500.1.1_Legume_lectin_beta_domain_(AHRD_V1_***_-)
Solyc12g049500.1.1	14,82041	0,000817 _A2Q300_MEDTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR010341_Protein_of_unknown_function_DUF936_plant AUUGT854 UDP-glucosyltransferase_854A UDP-glycosyltransferase/glucuronosyltransferase/transferring hexosyl groups (AHRD_V1_***_AT1G78270.1);
Solyc03g071850.1.1	14,75497	7,22-E-05 contains_Interpro_domain(s)_IPR002213_UDP-glucuronosyl/UDP-glucosyltransferase
Solyc03g026180.1.1	14,63356	0,000523 #Solyc03g026180.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc12g03600.1.1	13,91669	0,001848 #Solyc12g03600.1.1_Rhomboid_family_protein_(AHRD_V1_***_D7KGF7_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002610_Peptidase_S54_rhomboid #Solyc06g054070.2.1_Non-specific_lipid_protein-like_protein_(AHRD_V1_***_-)
Solyc06g054070.2.1	13,78601	0,002071 _C6T19c_SOYBN)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003612_Plant_lipid_transfer_protein/seed_storage/trypsin-alpha_amylase_inhibitor #Solyc12g088930.1.1_Plant-specific_domain_TIGR01570_family_protein_(AHRD_V1_***_-)
Solyc12g088930.1.1	13,6137	0,000409 _B6U390_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006460_Protein_of_unknown_function_DUF617_plant
Solyc02g086140.1.1	13,32854	0,001213 #Solyc02g086140.1.1_Genomic_DNA_chromosome_5_P1_clone_MSI17_(AHRD_V1_***_Q9FKN3_ARATH) #Solyc03g078690.2.1_UDP-glucosyltransferase_family_1_protein_(AHRD_V1_***_C6K145_CITSI)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002213_UDP-glucuronosyl/UDP-
Solyc03g078690.2.1	13,19109	0,000505 glucosyltransferase #Solyc09g014220.2.1_Peptide_transporter_(AHRD_V1_***_*_O48542_HORVU)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000109_TGF-
Solyc03g083730.1.1	13,17455	0,004267 beta_receptor_type_I/II_extracellular_region
Solyc02g083730.1.1	12,62447	1,16E-06 Pectin_methylsterase_inhibitor-like_protein_(AHRD_V1_***_G_B0L VF5_CAPAN); contains_Interpro_domain(s)_IPR006501_Pectinesterase_inhibitor
Solyc02g072140.1.1	12,27214	0,001121 #Solyc02g072140.1.1_UNE1-like_protein_(AHRD_V1_***_B2ZAQ7_GOSRA)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006943_Protein_of_unknown_function_DUF641_plant #Solyc04g018090.2.1_Sodium/hydrogen_exchanger_Na+-H+_antipporter_(AHRD_V1_***_-)
Solyc04g018090.2.1	11,66378	0,001663 _Q8IE70_PLAF7)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006153_Cation/H+_exchanger
Solyc03g096270.1.1	11,14225	0,004841 #Solyc03g096270.1.1_Gag_Pol_polyprotein_(AHRD_V1_***_B8YLY7_LOTJA)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001878_Zinc_finger_CCHC-type
Solyc02g090010.1.1	10,87843	0,001388 #Solyc02g090010.1.1_Molybdopterin_synthase_sulfur_carrier_subunit_(AHRD_V1_***_MOC2A_ORYSJ)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003749_ThiamineS
Solyc02g081440.2.1	10,69317	0,004374 #Solyc02g081440.2.1_Os02g0638200_protein_Fragment_(AHRD_V1_***_*_QDZ92_ORYSJ) #Solyc03g120840.1.1_Ethylene-responsive_transcription_factor_4_(AHRD_V1_***_*_ERF78_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001471_Pathogenesis-
Solyc03g120840.1.1	10,40703	0,001339 related_transcriptional_factor_and_ERF_DNA-binding #Solyc07g053820.2.1_Checkpoint_serine/threonine-protein_kinase_BUB1_(AHRD_V1_***_-)
Solyc07g053820.2.1	10,12525	0,004863 _B3L147_YEAST)_contains_Interpro_domain(s)_IPR015661_Mitotic_checkpoint_serine/threonine_protein_kinase_Bub1
Solyc05g021080.1.1	9,926607	0,003443 #Solyc05g021080.1.1_Gag_Pol_polyprotein_(AHRD_V1_***_B8YLY4_MEDTR)
Solyc06g072830.2.1	9,719624	0,003768 #Solyc06g072830.2.1_WD_repeat-containing_protein_5_homolog_(AHRD_V1_***_*_WDR5 DICDI)_contains_Interpro_domain(s)_IPR017986_WD40_repeat_region
Solyc05g005320.2.1	9,62114	0,001847 #Solyc05g005320.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc01g080750.2.1	9,538452	0,002175 #Solyc01g080750.2.1_HEAT_repeat_family_protein_(AHRD_V1_***_*_B4FX70_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR016024_Armadillo-type_fold #Solyc12g017850.1.1_Os10g0422600_protein_Fragment_(AHRD_V1_***_-)
Solyc12g017850.1.1	9,119145	0,004522 _Q0IXM0_ORYSJ)_contains_Interpro_domain(s)_IPR007650_Protein_of_unknown_function_DUF581
Solyc00g094550.1.1	9,114639	0,001489 #Solyc00g094550.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc03g112370.1.1	8,924621	0,001803 #Solyc03g112370.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc06g034370.1.1	8,834151	0,00494 #Solyc06g034370.1.1_Pectinesterase_(AHRD_V1_***_*_B9T3X5_RICCO)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006501_Pectinesterase_inhibitor #Solyc05g009700.2.1_Histidine_amino_acid_transporter_(AHRD_V1_***_*_Q85V22_ORYSI)_contains_Interpro_domain(s)_IPR013057_Amino_acid_transporter_transme
Solyc05g009700.2.1	8,822365	0,0008111 mbrane
Solyc01g091380.2.1	8,645162	0,002562 #Solyc01g091380.2.1_Microtubule-associated_protein_MAP65-1a_(AHRD_V1_***_*_Q9FEV9_TOBAC)_contains_Interpro_domain(s)_IPR007145_MAP65/ASE1 #Solyc05g054110.2.1_RHO_protein_GDP_dissociation_inhibitor_(AHRD_V1_***_*_Q70X35_MEDTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000406_RHO_protein_GDP_dissociation_inhibitor
Solyc05g054110.2.1	8,591015	0,001755 #Solyc09g014740.2.1_Receptor-like_protein_kinase_At3g21340_(AHRD_V1_***_-)
Solyc09g014740.2.1	8,578894	0,003905 _RLK6_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002290_Serine/threonine_protein_kinase
Solyc01g058200.2.1	8,483449	0,002744 #Solyc01g058200.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc12g027770.1.1	7,982245	0,002359 #Solyc12g027770.1.1_UF0176_protein_yceA_(AHRD_V1_***_*_Q1RDA3_ECOLT)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001763_Rhodanese-like
Solyc11g069120.1.1	7,920673	0,003363 #Solyc11g069120.1.1_F-box_family_protein_(AHRD_V1_***_*_D7MPC5_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001810_Cyclin-like_F-box
Solyc07g065040.2.1	7,706493	0,004526 n_function_DUF154
Solyc08g067120.2.1	7,669061	0,004653 #Solyc08g067120.2.1_P(AHRD_V1_***_*_Q7XYV1_SOLL)
Solyc12g087800.1.1	7,514142	0,000798 dependent_DNA_polymerase #Solyc02g081270.2.1_NAC_domain_protein_IPR003441_(AHRD_V1_***_-)
Solyc02g081270.2.1	7,275934	0,001154 _B9MW77_POPTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003441_No_apical_meristem_(NAM)_protein
Solyc07g054690.1.1	7,205562	0,004949 #Solyc07g054690.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc01g097110.1.1	7,094617	0,002636 #Solyc01g097110.1.1_Fanci_anemia_group_D2_protein_(AHRD_V1_***_*_FACD2_HUMAN)
Solyc03g115220.2.1	6,898257	0,003022 #Solyc03g115220.2.1_Cytochrome_P450
Solyc11g051150.1.1	6,812208	5,04-E-06 dependent_DNA_polymerase
Solyc02g062170.2.1	6,762843	0,003772 #Solyc02g062170.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc09g009580.2.1	6,636404	0,004293 #Solyc09g009580.2.1_Fatty_acyl_coA_reductase_(AHRD_V1_***_*_Q8L4M0_WHEAT)_contains_Interpro_domain(s)_IPR013120_Male_sterility_NAD-binding
Solyc07g041290.1.1	6,49232	0,004403 #Solyc07g041290.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc03g093850.1.1	6,426039	0,00474 #Solyc03g093850.1.1_ATP-dependent_DNA_helicase_(AHRD_V1_***_*_B9DMT1_STACT)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000212_DNA_helicase_UvrD REP_type #Solyc01g105350.1.1_UDP-glucuronosyltransferase_(AHRD_V1_***_*_*_Q5UB81_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002213_UDP-glucuronosyl/UDP-
Solyc01g105350.1.1	5,965451	0,002028 glucosyltransferase
Solyc08g008120.2.1	5,878917	4,64-E-05 #Solyc08g008120.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)_contains_Interpro_domain(s)_IPR018276_Ubiquitin_ligase_Det1/DDB1-complexing
Solyc05g052680.1.1	5,839336	0,003297 #Solyc05g052680.1.1_Hydroxycinnamoyl_transferase_(AHRD_V1_***_*_D2XJ64_9MAGN)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003480_Transferase
Solyc11g010940.1.1	5,751204	0,004024 #Solyc11g010940.1.1_Dof_zinc_finger_protein_6_(AHRD_V1_***_*_ASHWF5_HORVD)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003851_Zinc_finger_Dof-type
Solyc09g015770.2.1	5,703588	0,003547 #Solyc09g015770.2.1_WRKY_transcription_factor_6_(AHRD_V1_***_*_A7UDG3_SOLTU)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003657_DNA-binding_WRKY
Solyc09g07140.2.1	5,638792	0,002369 #Solyc09g07140.2.1_17.8_KDa_class_I_heat_shock_protein_(AHRD_V1_***_*_HS178_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR008978_HSP20-like_chaperone #Solyc01g058250.1.1_Gibberellin_3-beta-hydroxylase_Fragment_(AHRD_V1_***_*_D9ZZ2X9_FABA)_contains_Interpro_domain(s)_IPR005123_Oxoglutarate_and_iron-Solyc01g058250.1.1
Solyc01g058250.1.1	5,62244	0,001988 dependent oxygenase
Solyc12g042500.1.1	5,397276	0,001221 #Solyc12g042500.1.1_Gibberellin-regulated_family_protein_(AHRD_V1_***_*_D7MT35_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003854_Gibberellin_regulated_protein
Solyc06g072810.2.1	5,202605	0,000935 #Solyc06g072810.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc03g044800.1.1	5,18632	5,6-E-05 #Solyc03g044800.1.1_Methyl_jasmonate_esterase_(AHRD_V1_***_*_Q56SE1_SOLTU)
Solyc06g069790.2.1	5,159316	0,002877 #Solyc06g069790.2.1_Gibberellin-regulated_protein_(AHRD_V1_***_*_B4UW77_ARAHY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003854_Gibberellin_regulated_protein
Solyc06g082350.2.1	5,097183	5,82-E-05 #Solyc06g082350.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc10g084380.1.1	5,035071	0,000192 #Solyc10g084380.1.1_WRKY_transcription_factor_42_Fragment_(AHRD_V1_***_*_B2KJ82_HORVD)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003657_DNA-binding_WRKY #Solyc01g103030.2.1_Nitrate_transporter_(AHRD_V1_***_*_Q7XAK5_PRUPE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000109_TGF-
Solyc01g103030.2.1	4,951661	0,003448 beta_receptor_type_I/II_extracellular_region
Solyc06g071980.2.1	4,938639	8,9-E-05 #Solyc06g071980.2.1_Cell_division_protease_ftsH_(AHRD_V1_***_*_FTSH_BUCAPI)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003959_ATPase_AAA-type_core
Solyc02g069660.2.1	4,906878	0,004288 #Solyc02g069660.2.1_Vacuolar_protein_sorting-associated_protein_54_(AHRD_V1_***_*_B0CS25_LACBS) #Solyc04g007000.1.1_Ethylene-responsive_transcription_factor_4_(AHRD_V1_***_-)
Solyc04g007000.1.1	4,79204	0,000939 **_ERF78_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003340_Transcriptional_factor_B3
Solyc04g051870.1.1	4,737602	0,000805 type_beta_propeller

SolyC0g082690.2.1	4,681601	0.001295	#SolyC0g082690.2.1_Early_light-induced_protein_7_(AHRD_V1_***_B2BJD6_RHOCT)
SolyC0g062430.2.1	4,618813	0.000183	#SolyC0g062430.2.1_Inositol oxygenase_(AHRD_V1_****_A5FF81_FLAJ1)_contains_Interpro_domain(s)_IPR007828_Protein_of_unknown_function_DUF706
			#SolyC10g008040.2.1_Seed_biotin-containing_protein_SBP65_(AHRD_V1_-_-)
SolyC10g008040.2.1	4,609615	0.000307	_SBP65_PEA_.contains_Interpro_domain(s)_IPR006777_Microvirus_H_protein_(pilot_protein)
SolyC03g111800.2.1	4,544931	0.003841	#SolyC03g111800.2.1_Receptor_like_kinase_RLK
			#SolyC0g030520.2.1_Endoplasmic_reticulum-Golgi_intermediate_compartment_protein_3_(Predicted)_(_AHRD_V1_-_-)
SolyC0g030520.2.1	4,443489	0.004773	_B1MTM4_CALMO_.contains_Interpro_domain(s)_IPR012936_Protein_of_unknown_function_DUF1692
SolyC0g051980.2.1	4,438954	0.002283	Ubiquitin_ligase_SINAT5-related_(Seven_in_absentia_protein_family)_(AHRD_V1_**-G_Q1EP48_MUSBA); contains_Interpro_domain(s)_IPR004162_Seven_in_absentia_protein
SolyC04g050170.2.1	4,22344	0.004222	#SolyC04g050170.2.1_Receptor_like_kinase_RLK
SolyC05g050770.2.1	4,217486	0.000444	NHL repeat-containing_protein_(AHRD_V1_**-NG_ATG23890.2); contains_Interpro_domain(s)_IPR001258_NHL_repeat
SolyC05g013250.1.1	4,198956	0.001797	#SolyC05g013250.1.1_Lrr_resistance_protein_fragment
			#SolyC06g036170.1.1_Scarecrow-like_1_transcription_factor_(Fragment)_(_AHRD_V1_-_-)
SolyC06g036170.1.1	4,18843	0.000725	*_B1PPU0_PINPS_.contains_Interpro_domain(s)_IPR005202_GRAS_transcription_factor
SolyC09g010740.2.1	4,163817	0.000751	#SolyC09g010740.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
SolyC01g100980.2.1	4,108352	0.000129	#SolyC01g100980.2.1_Polygalacturonase_(AHRD_V1_***_B6TPQ2_MAIZE); contains_Interpro_domain(s)_IPR012334_Pectin_lyase_fold
SolyC01g005840.2.1	4,106101	0.001349	Farnesy_lipophosphatase_synthase_(AHRD_V1_***_NG_O65004_SO LLVMC); contains_Interpro_domain(s)_IPR008949_Terpenoid_synthase
SolyC08g023580.2.1	4,008444	0.004111	#SolyC08g023580.2.1_WD_repeat-containing_protein_48_homolog_(AHRD_V1_***_WDR48_BRUMA)
SolyC12g015680.1.1	4,007472	0.001472	#SolyC12g015680.1.1_Ycf60_protein_(AHRD_V1_-_-_Q8DJZ7_THEEB)
SolyC01g087540.2.1	3,947835	4.31-E05	Unknown_Protein_(AHRD_V1); contains_Interpro_domain(s)_IPR006946_Protein_of_unknown_function_DUF642
SolyC03g026320.2.1	3,925207	0.000398	#SolyC03g026320.2.1_Lipid_A_export_ATP-binding_permease_protein_MsbA_(AHRD_V1_***_A4BMK8_9GAMM)
			#SolyC06g053610.2.1_Myb-related_transcription_factor_(AHRD_V1_***_A7UL01_DATME).contains_Interpro_domain(s)_IPR017930_Myb-type_HTH_DNA-binding_domain
SolyC06g053610.2.1	3,920778	9.95-E05	binding_domain
SolyC03g116390.2.1	3,865855	0.000231	#SolyC03g116390.2.1_Late_embryogenesis_abundant_protein_(AHRD_V1_***_Q2QKE8_CATRO)
SolyC05g007940.2.1	3,776831	0.001195	#SolyC05g007940.2.1_Ribonuclease_T2_(AHRD_V1_***_Q9ZQX1_CICAR).contains_Interpro_domain(s)_IPR001568_Ribonuclease_T2
SolyC02g086960.2.1	3,771912	0.00085	#SolyC02g086960.2.1_Receptor_like_kinase_(AHRD_V1_***_A7VM71_MARPO).contains_Interpro_domain(s)_IPR002290_Serine/threonine_protein_kinase
SolyC08g076120.2.1	3,740953	0.000711	#SolyC08g076120.2.1_FAM96B_protein_(AHRD_V1_***_A8NHC1_COPC7)
SolyC12g096010.1.1	3,736221	2.49-E05	#SolyC12g096010.1.1_Receptor_like_protein_kinase_(AHRD_V1_***_Q9FP2_ARATH).contains_Interpro_domain(s)_IPR002290_Serine/threonine_protein_kinase
SolyC11g019920.1.1	3,703754	0.000449	#SolyC11g019920.1.1_Protein_disulfide_isomerase_(AHRD_V1_***_QSEUD3_MAIZE).contains_Interpro_domain(s)_IPR013766_Thioredoxin_domain
SolyC11g015060.1.1	3,703525	0.003994	#SolyC11g015060.1.1_BDSL_esterase/lipase_2_(AHRD_V1_***_GLIP2_ARATH).contains_Interpro_domain(s)_IPR001087_Lipase_GDSL
SolyC03g118120.2.1	3,676205	0.001416	#SolyC03g118120.2.1_Transferease_transferring_glycosyl_groups_(AHRD_V1_***_D7MH74_ARALY)
SolyC02g081490.2.1	3,671991	0.002708	#SolyC02g081490.2.1_Receptor_like_kinase_(AHRD_V1_***_Q9LL53_ORYSYA)
			#SolyC01g079430.2.1_A_IG002N01_30_protein_(Fragment)_(_AHRD_V1_***_Q9LQK8_ARALY)
SolyC01g079430.2.1	3,66976	0.004035	_O04624_ARATH_.contains_Interpro_domain(s)_IPR001578_Peptidase_C12_ubiquitin_carboxyl-terminal_hydrolase_1
SolyC09g074300.1.1	3,614071	0.003086	#SolyC09g074300.1.1_Histone_H2A_(AHRD_V1_***_B9REZ0_RICCO).contains_Interpro_domain(s)_IPR002119_Histone_H2A
SolyC12g038530.1.1	3,612021	0.00265	#SolyC12g038530.1.1_WD-40_repeat_protein_(AHRD_V1_***_B5VW6I_SPIMA).contains_Interpro_domain(s)_IPR017986_WD40_repeat_region
			#SolyC11g040380.1.1_Aspartokinase-homoserine_dihydrogenase_(AHRD_V1_***_Q8JF07_SOYBN).contains_Interpro_domain(s)_IPR001342_Homoserine_dihydrogenase_catalytic
SolyC11g040380.1.1	3,595829	0.000551	_O83607_SOYBN_.contains_Interpro_domain(s)_IPR001342_Homoserine_dihydrogenase_catalytic
SolyC01g067800.2.1	3,536554	0.004389	#SolyC01g067800.2.1_E3 ubiquitin-protein_ligase_MARCH1_(AHRD_V1_***_MARH1_MOUSE).contains_Interpro_domain(s)_IPR011016_Zinc_finger_RING-CH-type
SolyC12g027590.1.1	3,397311	0.004614	#SolyC12g027590.1.1_Exportin_4_(AHRD_V1_***_B0S813_DANRE)
SolyC12g099770.1.1	3,393723	0.000165	BIGYIN binding_(AHRD_V1_***_NG_AT3G57090.1); contains_Interpro_domain(s)_IPR016543_Tetratricopeptide_repeat_11_Fission_1_protein
SolyC12g019410.1.1	3,378615	0.002554	#SolyC12g019410.1.1_Kinase_family_protein_(AHRD_V1_***_D7KFB8_ARALY).contains_Interpro_domain(s)_IPR016253_Integrin-linked_protein_kinase
SolyC04g016050.2.1	3,368189	0.002798	#SolyC04g016050.2.1_GTP-binding_family_protein_(AHRD_V1_***_D7LHA2_ARALY).contains_Interpro_domain(s)_IPR002917_GTP-binding_protein_HSR1-related
			#SolyC07g053740.1.1_Ethylene-responsive_transcription_factor_4_(AHRD_V1_***_B6THY5_MAIZE).contains_Interpro_domain(s)_IPR001471_Pathogenesis-related
SolyC07g053740.1.1	3,364716	0.000368	related_transcriptional_factor_and_ERF_DNA-binding
			#SolyC03g005800.2.1_UDP-N-acetylglucosamine_transferase_subunit_ALG14_(AHRD_V1_***_Q9LQK8_ARALY)
SolyC03g005800.2.1	3,323929	0.003966	_B6U4N4_MAIZE_.contains_Interpro_domain(s)_IPR013969_Oligosaccharide biosynthesis_protein_Alg14_like
			#SolyC03g112080.1.1_Manganese-dependent_ADP-ribose/CDP-alcohol_diphosphatase_(AHRD_V1_***_Q8JF07_SOYBN).contains_Interpro_domain(s)_IPR016253_Integrin-linked_protein_kinase
SolyC03g112080.1.1	3,302319	0.002178	_ADPRM_BOVIN_.contains_Interpro_domain(s)_IPR004843_Metallophosphoesterase
			#SolyC04g073940.2.1_Tetratricopeptide_repeat-containing_protein_(AHRD_V1_***_D7MT84_ARALY).contains_Interpro_domain(s)_IPR015609_Molecular_chaperone_heat_shock_protein_Hsp40_DnaJ
SolyC04g073940.2.1	3,239312	0.003844	_D7MT84_ARALY_.contains_Interpro_domain(s)_IPR015609_Molecular_chaperone_heat_shock_protein_Hsp40_DnaJ
			#SolyC01g106350.2.1_Glutamyl-tRNA(Gln)_amidotransferase_subunit_A_(AHRD_V1_***_Q8JF07_SOYBN).contains_Interpro_domain(s)_IPR001200_Amidase_signature_enzyme
SolyC01g106350.2.1	3,206136	0.002115	_CSFK2_NANOT_.contains_Interpro_domain(s)_IPR000120_Amidase_signature_enzyme
SolyC01g112120.2.1	3,166232	0.002239	#SolyC01g112120.2.1_Dimethylaniline_monoxygenase_5_(AHRD_V1_***_B5XU09_SALSA)
SolyC02g087880.2.1	3,14829	0.002316	#SolyC02g087880.2.1_Tubulin_alpha-7_chain_(AHRD_V1_***_B9JV8_POPTR).contains_Interpro_domain(s)_IPR002452_Alpha_tubulin
SolyC04g077460.2.1	3,131221	0.002927	#SolyC04g077460.2.1_Amino_acid_transporter_(AHRD_V1_***_B9N1V7_POPTR).contains_Interpro_domain(s)_IPR013057_Amino_acid_transporter_transmembrane
SolyC12g013500.1.1	3,10992	0.004905	#SolyC12g013500.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
SolyC03g113540.2.1	3,071082	0.001216	#SolyC03g113540.2.1_Dynein_light_chain_cytoplasmic_(AHRD_V1_***_A7ELJ7_SCLS1).contains_Interpro_domain(s)_IPR001372_Dynein_light_chain_type_1_and_2
			#SolyC11g068440.1.1_Glucan_endo-1,3-beta-glucosidase_7_(AHRD_V1_***_Q9LQK8_ARALY)
SolyC11g068440.1.1	3,064713	0.000433	_B6T478_MAIZE_.contains_Interpro_domain(s)_IPR00490_Glycoside_hydrolase_family_17
SolyC04g050620.2.1	3,061685	4.08-E05	#SolyC04g050620.2.1_Cytchrome_P450
SolyC07g061890.1.1	3,061033	0.000584	#SolyC07g061890.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
			#SolyC04g058180.2.1_Dehydration-responsive_family_protein_(AHRD_V1_***_Q9LQK8_ARALY)
SolyC04g058180.2.1	3,048611	0.001626	_D7LDR4_ARALY_.contains_Interpro_domain(s)_IPR004159_Protein_of_unknown_function_DUF248_methyltransferase_putative
			#SolyC09g018780.2.1_Oligoribonuclease_(AHRD_V1_***_Q9LQK8_ARALY)
SolyC09g018780.2.1	3,031268	0.000617	_B6UGN6_MAIZE_.contains_Interpro_domain(s)_IPR013520_Exonuclease_RNase_T_and_DNA_polymerase_III
			#SolyC08g077200.2.1_Ribose-phosphate_pyrophosphokinase_(AHRD_V1_***_Q9LQK8_ARALY)
SolyC08g077200.2.1	3,014064	0.001255	_D7KH9_ARALY_.contains_Interpro_domain(s)_IPR005946_Phosphoribosyl_pyrophosphokinase
SolyC07g063120.2.1	3,006402	0.002849	#SolyC07g063120.2.1_WD-40_repeat_protein_(AHRD_V1_***_B7KCU4_CYPAT).contains_Interpro_domain(s)_IPR020472_G-protein_beta_WD-40_repeat_region
			#SolyC12g049370.1.1_Nucleoside_diphosphate_kinase_(AHRD_V1_***_Q9LQK8_ARALY)
SolyC12g049370.1.1	3,004585	0.002995	_C6T1U7_SOYBN_.contains_Interpro_domain(s)_IPR001564_Nucleoside_diphosphate_kinase_core
SolyC11g008140.1.1	2,984626	0.004662	#SolyC11g008140.1.1_Pectate_lyase_family_protein_(AHRD_V1_***_D7LXH4_ARALY).contains_Interpro_domain(s)_IPR002022_Pectate_lyase/Amb_allergen
			#SolyC11g008610.1.1_Nucleotide-sugar_transporter_UDP_N-acetylglicosamine
SolyC11g008610.1.1	2,925456	0.00275	like_signal_peptide_9_or_more_transmembrane_domains_(Fragment)_(_AHRD_V1_***_Q5CU24_CRYPV).contains_Interpro_domain(s)_IPR0072r
			#SolyC10g045430.1.1_Phosphoglycerate_mutase_protein_(AHRD_V1_***_Q9LQK8_ARALY)
SolyC10g045430.1.1	2,906423	0.004834	_C1DZH2_9_CHLKO_.contains_Interpro_domain(s)_IPR013078_Phosphoglycerate_mutase
SolyC03g058470.1.1	2,893425	0.001368	#SolyC03g058470.1.1_TBC1_domain_family_member_15_(AHRD_V1_***_Q7TPU5_MOUSE).contains_Interpro_domain(s)_IPR00195_RabGAP/TBC
			#SolyC04g016540.1.1_Pentatricopeptide_repeat-containing_protein_(AHRD_V1_***_Q9LQK8_ARALY)
SolyC04g016540.1.1	2,891178	0.003655	_D7LD67_ARALY_.contains_Interpro_domain(s)_IPR002885_Pentatricopeptide_repeat
			#SolyC01g090380.2.1_Os02g0655100_protein_(Fragment)_(_AHRD_V1_***_Q9LQK8_ARALY)
SolyC01g090380.2.1	2,875056	0.004029	_QDZQ99_ORYSJ_.contains_Interpro_domain(s)_IPR018881_Uncharacterised_protein_family_UPF0565
			#SolyC09g010360.2.1_Nodulin-like_protein_(AHRD_V1_***_Q9LQK8_ARALY)
SolyC09g010360.2.1	2,836228	9.17-E05	_Q9ZUS1_ARATH_.contains_Interpro_domain(s)_IPR000620_Protein_of_unknown_function_DUF6_transmembrane
			#SolyC04g005250.2.1_DNA_(Cytosine-5-)methyltransferase_3_(AHRD_V1_***_B3DGP2_DANRE).contains_Interpro_domain(s)_IPR001525_C-5_cytosine-methyltransferase
SolyC04g005250.2.1	2,833083	0.00183	specific_DNA_methylase
SolyC07g080270.2.1	2,814485	0.000833	#SolyC07g080270.2.1_50S_ribosomal_protein_L36_(AHRD_V1_***_A6CG00_9PLAN).contains_Interpro_domain(s)_IPR000473_Ribosomal_protein_L36
SolyC07g060230.1.1	2,811896	0.00327	#SolyC07g060230.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
SolyC09g065580.2.1	2,774697	0.00288	#SolyC09g065580.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
SolyC11g005640.1.1	2,72961	0.003096	#SolyC11g005640.1.1_Ubiquitin_(AHRD_V1_***_D0EUY5_9POAL).contains_Interpro_domain(s)_IPR019956_Ubiquitin_subgroup
			#SolyC11g006700.1.1_Pentatricopeptide_repeat-containing_protein_(AHRD_V1_***_Q9LQK8_ARALY)
SolyC11g006700.1.1	2,72895	0.004888	_D7L3A6_ARALY_.contains_Interpro_domain(s)_IPR002885_Pentatricopeptide_repeat
			#SolyC10g080150.1.1_24-sterol_C-methyltransferase_(AHRD_V1_***_Q2QDF7_GOSHI).contains_Interpro_domain(s)_IPR013705_Sterol_methyltransferase_C-terminal
SolyC10g080150.1.1	2,728008	0.000598	terminal
SolyC06g072980.2.1	2,725692	0.004565	#SolyC06g072980.2.1_Autophagy-related_protein_13_(AHRD_V1_***_C1GRW0_PARBA).contains_Interpro_domain(s)_IPR018731_Autophagy-related_protein_13
SolyC06g069360.2.1	2,723344	0.00207	#SolyC06g069360.2.1_PHD-finger_family_protein_(AHRD_V1_***_B6U0S2_MAIZE).contains_Interpro_domain(s)_IPR019787_Zinc_finger_PHD-finger
			#SolyC06g061070.2.1_Glycoside_hydrolase_family_28_protein/polygalacturonase_family_protein_(AHRD_V1_***_Q9LQK8_ARALY)
SolyC06g061070.2.1	2,72048	0.003231	_Q1PF10_ARATH_.contains_Interpro_domain(s)_IPR012334_Pectin_lyase_fold
			#SolyC01g091890.2.1_Ubiquitin-related_modifier_1_homolog_(AHRD_V1_***_Q9LQK8_ARALY)
SolyC01g091890.2.1	2,712611	0.00213	_C1BWZ5_ESOLU_.contains_Interpro_domain(s)_IPR015221_Ubiquitin_related_modifier_1
SolyC01g005100.2.1	2,703944	0.004928	#SolyC01g005100.2.1_Prolyl_3-hydroxylase_1_(AHRD_V1_***_P3H1_CHICK).contains_Interpro_domain(s)_IPR006620_Prolyl_4-hydroxylase_alpha_subunit
			#SolyC03g096830.2.1_Pentatricopeptide_repeat-containing_protein_(AHRD_V1_***_Q9LQK8_ARALY)
SolyC03g096830.2.1	2,690621	0.001868	_D7M7W8_ARALY_.contains_Interpro_domain(s)_IPR002885_Pentatricopeptide_repeat
SolyC07g080210.2.1	2,685078	7.07-E-05	#SolyC07g080210.2.1_TPR_domain_protein_(AHRD_V1_***_B6U810_MAIZE).contains_Interpro_domain(s)_IPR011990_Tetratricopeptide-like_helical
			#SolyC07g063750.2.1_Serine/threonine
SolyC07g063750.2.1	2,675993	0.004431	protein_kinase_receptor_(AHRD_V1_***_B6U2B7_MAIZE).contains_Interpro_domain(s)_IPR002290_Serine/threonine_protein_kinase
SolyC04g054310.2.1	2,670743	0.000423	#SolyC04g054310.2.1_Alanine-glyoxylate_aminotransferase_(AHRD_V1_***_D2KZ10_WHEAT).contains_Interpro_domain(s)_IPR005814_Aminotransferase_class-III
SolyC02g068540.1.1	2,637598	0.000467	#SolyC02g068540.1.1_LRR_receptor-like_serine/threonine-protein_kinase_RLP
SolyC09g082490.2.1	2,623749	0.000204	#SolyC09g082490.2.1_Os04g0376600_protein_(Fragment)_(_AHRD_V1_***_C7J0T0_ORYSJ)

Solyc09g031930.2.1	2,048207	0.000145 #Solyc09g031930.2.1_KH_domain-containing_RNA_binding_signal_transduction_associated_1_(AHRD_V1_**-	_Q29RQ2_BOVIN)_contains_Interpro_domain(s)_IPR004088_K_Homology_type_1
Solyc03g112380.1.1	2,044873	0.00259 #Solyc03g112380.1.1_Armadillo/beta-catenin_repeat_family_protein_(AHRD_V1_***_D7LR71_ARALY)	
Solyc04g082380.2.1	2,044102	0.001324 #Solyc04g082380.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)	
Solyc11g005360.1.1	2,03868	0.000348 #Solyc11g005360.1.1_BolA-like_protein_(AHRD_V1_**- BGSIB6_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002634_BolA-like_protein	
Solyc08g008270.2.1	2,031617	0.00076 #Solyc08g008270.2.1_Uncharacterized_conserved_membrane_protein_(AHRD_V1_**-_Q46L34_PRMOT)	
Solyc05g007830.2.1	2,030909	0.003426 #Solyc05g007830.2.1_Expanin_2_(AHRD_V1_***_Q9FUM2_HORVU)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002963_Expanin	
Solyc12g098470.1.1	2,026706	0.00041 #Solyc12g098470.1.1_At5g43490-like_protein_(Fragment)_(AHRD_V1_**-_Q6XWB0_ARATH)	
Solyc07g006360.1.1	2,02571	0.000949 #Solyc07g006360.1.1_RING_finger_protein_(AHRD_V1_**-_C6EUD3_SOYBN)_contains_Interpro_domain(s)_IPR018957_Zinc_finger_C3HC4_RING-type #Solyc06g035530.2.1_Gibberellin_20-oxidase-2_(AHRD_V1_***_Q9ZP93_SOLLC)_contains_Interpro_domain(s)_IPR005123_Oxoglutarate_and_iron-	
Solyc06g035530.2.1	2,023559	0.004664 dependent_oxygenase	
Solyc06g076950.2.1	2,015504	0.004257 #Solyc06g076950.2.1_Carbohydrate_kinase_PfkB_(AHRD_V1_***_B6TDQ7_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR011611_Carbohydrate_purine_kinase	
		#Solyc08g005990.2.1_CDP-diacylglycerol-inositol_3-	
Solyc08g005990.2.1	2,013051	0.001713 phosphatidyltransferase_(Phosphatidylinositol_synthase)_(AHRD_V1_***_Q0IIY3_XENTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR014387_CDP-diacylglycerol-inosite	
Solyc03g071620.1.1	2,010773	0.000234 #Solyc03g071620.1.1_Histone_H2B_(AHRD_V1_***_A2IBL2_NICBE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000558_Histone_H2B	
Solyc12g055990.1.1	2,006209	0.000563 #Solyc12g055990.1.1_Abscisic_acid_receptor_PYL9_(AHRD_V1_**-_PYL9_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR019587_Polyketide_cyclase/dehydrase	
Solyc03g093360.2.1	2,005185	0.000226 #Solyc03g093360.2.1_Wound/stress_protein_(AHRD_V1_**-_Q672Q3_SOLLC)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001024_Lipoxygenase_LH2	
Solyc05g014260.2.1	2,003831	0.001258 #Solyc05g014260.2.1_Response_regulator_11_(AHRD_V1_**-_Q0WRT0_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR017053_Response_regulator_plant_B-type	
		#Solyc05g053890.1.1_Glycosyltransferase-like_protein_(AHRD_V1_**-_Q9LXV0_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002213_UDP-glucuronosyl/UDP-	
Solyc05g053890.1.1	-33,3345	0.000167 glucosyltransferase	
Solyc05g049990.2.1	-32,2188	0.001955 #Solyc05g049990.2.1_Heavy_metal-associated_domain-containing_protein_expressed_(AHRD_V1_**-_Q8LN41_ORYSJ)	
		#Solyc04g081340.2.1_Receptor_expression-enhancing_protein_3_(AHRD_V1_**-	
Solyc04g081340.2.1	-29,5526	0.000184 #B6TB01_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR004345_TB2/DP1_and_HVA22_related_protein	
		#Solyc10g055740.1.1_Lysine/histidine_transporter_(AHRD_V1_**-	
Solyc10g055740.1.1	-27,1829	0.000331 _B9GQ40_POPTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR013057_Amino_acid_transporter_transmembrane	
		#Solyc06g054330.2.1_3-ketodihydrophosphoginsine_reductase_(AHRD_V1_**-_B6TX51_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002198_Short-	
Solyc06g054330.2.1	-26,7229	0.000197 chain_dehydrogenase/reductase_SDR	
		#Solyc10g084370.1.1_MYB_transcription_factor_(Fragment)_(AHRD_V1_**-_A1DR87_CATRO)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006447_MyB-like_DNA-	
Solyc10g084370.1.1	-26,4873	0.000651 binding_region_SHAQKYK_class	
		#Solyc05g053890.1.1_Glycosyltransferase_(AHRD_V1_**-_Q9LXV0_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002213_UDP-glucuronosyl/UDP-glycosyltransferase	
Solyc11g010790.1.1	-25,5554	0.000359 #Solyc11g010790.1.1_Glycosyltransferase_(AHRD_V1_**-_A1YM58_IPOBA)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002213_UDP-glucuronosyl/UDP-glycosyltransferase	
Solyc12g10030.1.1	-21,979	0.000256 #Solyc12g10030.1.1_LRRL_receptor-like_serine/threonine-protein_kinase_RLP	
Solyc04g074520.2.1	-21,7038	0.000509 #Solyc04g074520.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)_contains_Interpro_domain(s)_IPR008889_VQ	
		#Solyc08g008070.1.1_BTB/POZ_domain-containing_protein_KCTD10_(AHRD_V1_**-	
Solyc08g008070.1.1	-21,2673	0.00102 _C1B1II_OSSMMO)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003131_Potassium_channel_voltage_dependent_Kv_tetramerisation	
Solyc11g045100.1.1	-21,1552	0.001298 #Solyc11g045100.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)	
Solyc08g042070.1.1	-19,9499	0.000495 #Solyc08g042070.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)	
Solyc11g039370.1.1	-19,331	0.001653 #Solyc11g039370.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)	
Solyc12g013600.1.1	-19,2284	0.0018 #Solyc12g013600.1.1_TPR_and_ankyrin-repeat-containing_protein_1_(AHRD_V1_**-_TRNK1_HUMAN)	
Solyc03g123750.2.1	-18,8545	0.000524 #Solyc03g123750.2.1_Lipase_(AHRD_V1_**-_Q5SF11_RICCO)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002921_Lipase_class_3	
Solyc04g063400.1.1	-17,6729	0.000892 #Solyc04g063400.1.1_F-box_family_protein_(AHRD_V1_**-_B9N8U5_POPTR)	
Solyc03g121400.1.1	-17,5801	0.001943 #Solyc03g121400.1.1_Dof_zinc_finger_protein_4_(AHRD_V1_**-_A5HWF3_HORVD)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003851_Zinc_finger_Dof-type	
Solyc01g090160.2.1	-17,5252	0.000821 #Solyc01g090160.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)	
Solyc08g079100.2.1	-16,8616	7,37-E.000944 YABBY_like_transcription_factor_(Fragment)_(AHRD_V1_**-_G_A6P339_GNEPA)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006780_YABBY_protein	
Solyc03g095710.2.1	-16,8238	0.000434 Alpha_amylase_(AHRD_V1_**-_G_Q8LP27_IPONI)_contains_Interpro_domain(s)_IPR013775_Alpha_amylase_plant	
Solyc07g041830.2.1	-16,6565	0.002257 #Solyc07g041830.2.1_MTD1_(AHRD_V1_**-_Q9LLM3_MEDTR)	
		#Solyc17g01550.1.1_Glutamyl-tRNA(Gln)_amidotransferase_subunit_A_(AHRD_V1_**-	
Solyc11g071550.1.1	-16,6148	0.002273 _Q81EC8_BACCR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000120_Amidase_signature_enzyme	
		#Solyc10g083350.1.1_Soul_heme-binding_family_protein_(AHRD_V1_**-_D7L8V8_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006917_SOUL_haem-binding_protein	
Solyc08g067300.1.1	-15,7303	0.001522 #Solyc08g067300.1.1_F-box_family_protein_(AHRD_V1_**-_B9HCN7_POPTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001810_Cyclin-like_F-box	
		#Solyc05g052410.1.1_Ethylene-responsive_transcription_factor_1_(AHRD_V1_**-_ERF1_ORYSJ)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001471_Pathogenesis-	
Solyc05g052410.1.1	-15,5091	0.002686 related_transcriptional_factor_and_ERF_DNA-binding	
Solyc07g040960.1.1	-15,1173	0.004435 #Solyc07g040960.1.1_Os07g0175100_protein_(Fragment)_(AHRD_V1_**-_Q0D898_ORYSJ)	
Solyc05g051310.1.1	-14,9874	0.002854 #Solyc05g051310.1.1_Ethylene-responsive_transcription_factor_5_(AHRD_V1_**-_ERF5_NICSY)	
Solyc02g085750.2.1	-14,92	0.001189 #Solyc02g085750.2.1_LuxR_family_transcriptional_regulator_(Fragment)_(AHRD_V1_**-_D9ZBL8_9CARY)	
		#Solyc10g008590.1.1_Pentatricopeptide_repeat-containing_protein_(AHRD_V1_**-	
Solyc10g008590.1.1	-14,8914	0.002245 _D7KCF7_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002885_Pentatricopeptide_repeat	
		#Solyc12g042180.1.1_Arf-GAP_with_coiled-coil_ANK_repeat_and_PH_domain-containing_protein_3_(AHRD_V1_**-	
Solyc12g042180.1.1	-14,7585	0.001269 _ACAP3_HUMAN)_contains_Interpro_domain(s)_IPR004148_BAR	
		#Solyc10g081830.1.1_Repliation_protein_A_subunit_(AHRD_V1_**-	
Solyc10g081830.1.1	-14,7553	0.000587 _B6T3L8_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR014646_Repliation_protein_A_subunit_RPA32	
Solyc12g014030.1.1	-14,7021	0.000699 #Solyc12g014030.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)	
Solyc02g071940.1.1	-14,5784	0.001631 #Solyc02g071940.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)	
Solyc04g009820.2.1	-14,1691	0.000934 #Solyc04g009820.2.1_Calcium-responsive_transactivator_(AHRD_V1_**-_CREST_XENLA)_contains_Interpro_domain(s)_IPR007726_SSXT	
Solyc01g005390.2.1	-14,025	0.003041 #Solyc01g005390.2.1_Nudix_hydrolase_4_(AHRD_V1_**-_B6T5N7_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000086_NUDIX_hydrolase_domain	
Solyc10g086530.1.1	-13,7546	0.000569 #Solyc10g086530.1.1_GRAS_family_transcription_factor_(AHRD_V1_**-_B9HBM9_POPTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR005202_GRAS_transcription_factor	
		#Solyc03g098780.1.1_Kunitz-	
Solyc03g098780.1.1	-13,5369	0.003827 type_protease_inhibitor_(AHRD_V1_**-_Q3S488_SOLTU)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002160_Proteinase_inhibitor_I3_Kunitz-legume	
		#Solyc05g055330.2.1_ATP-binding_cassette_transporter_(AHRD_V1_**-_D8RLL7_SELML)_contains_Interpro_domain(s)_IPR013525_ABC-2_type_transporter	
Solyc05g053320.1.1	-13,3927	0.002912 #Solyc05g053320.1.1_Gag-Pol_polyprotein_(AHRD_V1_**-_B8LY4_MEDTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001878_Zinc_finger_CCHC-type	
Solyc12g006250.1.1	-13,2675	0.003172 #Solyc12g006250.1.1_Transport_protein_SFT2_(AHRD_V1_**-_C9SjZ4_VERA1)_contains_Interpro_domain(s)_IPR011691_SFT2-like	
Solyc03g113340.2.1	-13,2209	0.002787 #Solyc03g113340.2.1_Nodulin-like_protein_(Fragment)_(AHRD_V1_**-_O81121_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR010658_Nodulin-like	
Solyc11g031970.1.1	-13,0576	0.000609 #Solyc11g031970.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002482_Peptidoglycan-binding_Lysin_subgroup	
Solyc06g060830.2.1	-13,0077	0.001389 #Solyc06g060830.2.1_Homeobox-leucine_zipper_protein_(AHRD_V1_**-_Q40781_IMBIR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006712_HD-ZIP_protein_N-terminal	
		#Solyc04g074430.1.1_Phi-1_protein_(Fragment)_(AHRD_V1_**-_Q4LAX0_CAPCH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006766_Phosphate-	
Solyc04g074430.1.1	-12,8723	0.001954 induced_protein_1_conserved_region	
Solyc06g069880.2.1	-12,817	0.001897 #Solyc06g069880.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000750_Protein_of_unknown_function_DUF674	
Solyc01g107020.2.1	-12,3705	0.002845 #Solyc01g107020.2.1_Predicted_DNA_damage_inducible_protein_(ISS)__(AHRD_V1_**-_Q00V26_OSTTA)	
		#Solyc09g029500.1.1_C2_domain-containing_protein_like_(AHRD_V1_**-	
Solyc09g029500.1.1	-12,2618	0.001532 _Q8WF09_ORYSJ)_contains_Interpro_domain(s)_IPR018029_C2_membrane_targeting_protein	
		#Solyc11g111220.2.1_Glutamyl-tRNA(Gln)_amidotransferase_subunit_A_(AHRD_V1_**-	
Solyc11g111220.2.1	-12,1069	0.002089 _B2WKK5_PYRTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000120_Amidase_signature_enzyme	
Solyc02g063040.2.1	-12,0537	0.000896 #Solyc02g063040.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)	
Solyc12g017940.1.1	-11,7985	0.002724 #Solyc12g017940.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)	
Solyc04g011810.1.1	-11,7279	0.004517 #Solyc04g011810.1.1_Glutaredoxin_(AHRD_V1_**-_B919V9_POPTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR011905_Glutaredoxin-like_plant_II	
		#Solyc06g054320.1.1_Disease_resistance_response_(AHRD_V1_**-	
Solyc06g054320.1.1	-11,6327	0.002479 _D7L1G4_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR004265_Plant_disease_resistance_response_protein	
		#Solyc09g083200.2.1_Nod_factor_receptor_protein_(Fragment)_(AHRD_V1_**-_B6ZN07_GLYSO)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002482_Peptidoglycan-	
Solyc09g083200.2.1	-11,5033	0.00376 binding_Lysin_subgroup	
		#Solyc01g008420.2.1_Mate_efflux_family_protein_(AHRD_V1_**-	
Solyc01g008420.2.1	-11,4405	0.004682 _D7KH09_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002528_Multi_antimicrobial_extrusion_protein_MatE	
		#Solyc03g111330.2.1_UPF0235_protein_yggU_(AHRD_V1_**-_B5P4D4_SALET)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003746_Protein_of_unknown_function_DUF167	
Solyc07g056330.2.1	-11,1815	0.00254 _D7LJE3_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR005946_Phosphoribosyl_pyrophosphokinase	
		#Solyc10g084830.1.1_Amino_acid_transporter_(AHRD_V1_**-_B9IFW4_POPTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR013057_Amino_acid_transporter_transmembrane	
Solyc10g083700.2.1	-11,0359	0.001282 Cytochrome_P450_E-class_group_I	
		#Solyc07g064710.2.1_Tetraacylidysaccharide_4apos-kinase_family_protein_(AHRD_V1_**-	
Solyc07g064710.2.1	-10,7782	0.001386 _D7LB04_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003758_Tetraacylidysaccharide-1-P_4-kinase	
Solyc06g053760.2.1	-10,6605	0.00255 #Solyc06g053760.2.1_Syntaxin_(AHRD_V1_**-_Q6XV9_HORVD)_contains_Interpro_domain(s)_IPR010989_t-SNARE	
Solyc03g053000.2.1	-10,638	0.001282 #Solyc03g053000.2.1_Colon_cancer-associated_protein_Mic1-like_containing_protein_expressed_(AHRD_V1_**-_Q338I5_ORYSJ)	
		#Solyc11g008760.1.1_Pentatricopeptide_repeat-containing_protein_(AHRD_V1_**-	
Solyc11g008760.1.1	-10,5444	0.003756 _D7M479_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002885_Pentatricopeptide_repeat	
		Solyc12g010480.1.1_-10,487 0.00355 #Solyc12g010480.1.1_Adiponectin_receptor_(AHRD_V1_**-_Q16FL3_AEDAE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR004254_Hly-III_related	
Solyc12g010490.1.1	-10,2595	0.003405 #Solyc12g010490.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)	
Solyc01g091670.2.1	-10,0967	0.003644 #Solyc01g091670.2.1_Progestrone_5-beta-reductase_(AHRD_V1_**-_D6N9X0_NEROL)_contains_Interpro_domain(s)_IPR016040_NAD(P)-binding_domain	
Solyc09g074250.2.1	-10,0102	0.001776 #Solyc09g074250.2.1_Receptor-like_kinase_(AHRD_V1_**-_A7VM42_MARPO)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002290_Serine/threonine_protein_kinase	

Solyco04g007730.2.1	-9.94727	0.000626 #Solyco04g007730.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyco06g052050.2.1	-9.65394	0.000843 #Solyco06g052050.2.1_Heat_shock_protein_(AHRD_V1_***_Q8K4P8_CYAME)_contains_Interpro_domain(s)_IPR013126_Heat_shock_protein_70 #Solyco1g007750.1.1_Potassium_tellurite_esthidium_and_proflavin_transporter_(AHRD_V1_***_
Solyco1g007750.1.1	-9.64995	0.001597 _CSS1A7_9.PAST)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001378_Unccharacterised_protein_family_UPF0066 #Solyco1g008360.1.1_Pseudouridine_synthase_family_protein_(AHRD_V1_***_
Solyco1g008360.1.1	-9.63427	0.003525 _D7LCF4_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006145_Pseudouridine_synthase_RSuA_and_RluB/C/D/E/F #Solyco1g0091610.1.1_Pentatricopeptide_repeat-containing_protein_(AHRD_V1_***_
Solyco1g091610.1.1	-9.5816	0.001835 _D7LS65_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002885_Pentatricopeptide_repeat
Solyco1g060300.1.1	-9.49497	1.09E-05 #Solyco1g060300.1.1_MADS-box_transcription_factor_(AHRD_V1_***_Q9SEE0_PICAB)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002100_Transcription_factor_MADS-box
Solyco09g007900.2.1	-8.70106	4.65E-05 #Solyco09g007900.2.1_Phenoxyalanine_ammonia-lyase_(AHRD_V1_***_B5LAW0_CAPAN)_contains_Interpro_domain(s)_IPR005922_Phenoxyalanine_ammonia-lyase
Solyco1g008090.1.1	-8.25335	0.002879 #Solyco1g008090.1.1_Shugoshin_1_(AHRD_V1_***_B6TQG1_MAIZE) #Solyco5g0007510.2.1_RNA-dependent_RNA_polymerase_(AHRD_V1_***_C1I213_NICGU)_contains_Interpro_domain(s)_IPR007855_RNA-
Solyco4g081480.1.1	-8.2478	0.002802 #Solyco04g081480.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1_***_
Solyco5g007510.2.1	-8.16196	0.004962 dependent_RNA_polymerase_eukaryotic-type #Solyco1g007210.1.1_5-AMP-activated_protein_kinase_subunit_beta-1_(AHRD_V1_***_C1BJ92_OSMMO)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006828_5-AMP-
Solyco1g012710.1.1	-8.1554	0.002979 activated_protein_kinase_beta_subunit_complex-interacting_ren #Solyco1g079490.1.1_Beta-3-galactosyl-o-glycosyl-glycoprotein_(AHRD_V1_**_
Solyco1g079490.1.1	-8.12052	0.001356 _B6Z261_WHEAT)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003406_Glycosyl_transferase_family_14 #Solyco06g072550.2.1_UPF0497_membrane_protein_8_(AHRD_V1_***_
Solyco06g072550.2.1	-8.09545	0.004391 _U4978_VITV)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006459_Unccharacterised_protein_family_UPF0497_trans-membrane_plant_subgroup #Solyco1g0098610.1.1_Xyloglucan_endotransglucosylase/hydrolase_8_(AHRD_V1_***_
Solyco1g098610.1.1	-8.03342	0.00476 _C0IRG7_ACTDE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR016455_Xyloglucan_endotransglucosylase/hydrolase #Solyco09g0097840.1.1_Pentatricopeptide_repeat-containing_protein_(AHRD_V1_***_
Solyco09g0097840.1.1	-7.89981	0.004094 _DTLXU6_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002885_Pentatricopeptide_repeat #Solyco09g0011550.2.1_Glutathione_S-transferase-like_protein_(AHRD_V1_***_A8DU80_SOLLC)_contains_Interpro_domain(s)_IPR004046_Glutathione_S-
Solyco09g011550.2.1	-7.86774	0.004296 transferase_C-terminal
Solyco06g071380.2.1	-7.80259	0.003143 #Solyco06g071380.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1) #Solyco3g093560.1.1_Ethylene-responsive_transcription_factor_2_(AHRD_V1_***_B6U860_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001471_Pathogenesis-
Solyco3g093560.1.1	-7.50836	0.000106 related_transcription_factor_and_ERF_DNA-binding
Solyco09g092560.2.1	-7.50412	0.004342 #Solyco09g092560.2.1_Cytochrome_P450
Solyco06g062890.2.1	-7.29882	0.001388 #Solyco06g062890.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1) #Solyco4g048950.2.1_Necrotic_spotted_lesions_1_(Fragment)__(AHRD_V1_***_-
Solyco4g048950.2.1	-7.06659	0.003637 _B6ZA38_HELPE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001862_Membrane_attack_complex_component/perforin/complement_C9
Solyco06g008790.2.1	-7.04787	0.004957 #Solyco06g008790.2.1_Cc-nbs_irr_resistance_protein
Solyco06g016770.2.1	-6.90372	0.003735 #Solyco06g016770.2.1_Zinc_finger_family_protein_(AHRD_V1_**_D7MTV5_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR011016_Zinc_finger_RING-CH-type
Solyco1g005010.2.1	-6.89017	0.000457 #Solyco1g005010.2.1_Protein_XR11_(AHRD_V1_**_XR11_ARATH)
Solyco1g018250.2.1	-6.8105	0.00036 #Solyco1g018250.2.1_Glutathione_S-transferase_(AHRD_V1_***_A3FMP5_SOLLC)_contains_Interpro_domain(s)_IPR004046_Glutathione_S-transferase_C-terminal
Solyco1g005570.2.1	-6.75725	7.9E-05 #Solyco1g005570.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)_contains_Interpro_domain(s)_IPR012438_Protein_of_unknown_function_DUF1639
Solyco08g065310.2.1	-6.71356	0.00145 #Solyco08g065310.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyco3g115040.2.1	-6.6016	0.000382 #Solyco3g115040.2.1_Xylanase_inhibitor_(Fragment)__(AHRD_V1_***_Q53IQ4_WHEAT)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001461_Peptidase_A1 #Solyco3g006770.2.1_Serine/threonine_kinase_receptor_(AHRD_V1_***_Q7DM55_BRANA)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002290_Serine/threonine_protein_kinas
Solyco03g006770.2.1	-6.5294	0.003835 e
Solyco1g0105310.2.1	-6.44053	0.003078 #Solyco1g105310.2.1_Metacaspase_(AHRD_V1_***_A8NU42_COPC7)_contains_Interpro_domain(s)_IPR011600_Peptidase_C14_caspase_catalytic #Solyco1g007030.1.1_Hydrolase_alpha/beta_fold_protein_(AHRD_V1_***_-
Solyco1g007030.1.1	-6.39451	0.000103 _DTLQ3_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000073_Alpha/beta_hydrolase_fold-1 #Solyco1g009190.2.1_CRS2-associated_factor_1_chloroplastic_(AHRD_V1_***_CAF1P_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001890_RNA-
Solyco1g019040.2.1	-6.37485	0.001986_binding_CRM_domain
Solyco01g095290.2.1	-6.37227	0.003044 #Solyco1g095290.2.1_1_alpha-D_xylosyltransferase_(AHRD_V1_***_Q9ZSJ2_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003388_Reticulon
Solyco1g068490.1.1	-6.24731	0.004044 #Solyco1g068490.1.1_cDNA_clone_J013021P22_full_insert_sequence_(AHRD_V1_***_B7EAV4_ORYSJ) #Solyco1g01901800.2.1_Ribosomal_RNA_small_subunit_methyltransferase_A_(AHRD_V1_***_-
Solyco1g091800.2.1	-6.1603	0.002171 _D6YS21_WADCW)_contains_Interpro_domain(s)_IPR011530_RNA_adenine_dimethylase
Solyco09g083060.2.1	-6.09238	0.000995 #Solyco09g083060.2.1_U-box_domain-containing_protein_(AHRD_V1_***_Q1ENX4_MUSAC)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003613_U_box_domain
Solyco09g066400.1.1	-6.06817	0.000516 #Solyco09g066400.1.1_Cytochrome_P450
Solyco07g062930.2.1	-6.01738	0.000303 Ribosomal_protein_L11_methyltransferase-like_protein_(AHRD_V1 *** G_Q9FN34_ARATH); contains_Interpro_domain(s)_IPR010456_Ribosomal_L11_methyltransferase_FUNCTIONS_IN_molecular_function_unknown_INVOLVED_IN_biological_process_unknown_LOCATED_IN_chloroplast_EXPRESSED_IN_22_plant_structures_EXPRESSED
Solyco11g012940.1.1	-5.66831	0.003387 DURING_13_growth_stages_(AHRD_V1 *** NG_ATG0820.1); contains_Interpro_domain(s)_IPR008554_Glutaredoxin_2 #Solyco5g00290.20.1_Indole-3-acetyl_acid-amido_synthetase_GH3.8_(AHRD_V1_***_B6U4E2_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR004993_GH3_auxin-
Solyco05g05290.2.1	-5.62676	0.000169 responsive_promoter
Solyco08g068850.2.1	-5.62313	0.000434 #Solyco08g068850.2.1_Proton_pump_interactor_1_(AHRD_V1_***_D5L6G0_SOLTU) #Solyco1g0076580.1.1_Phosphatidylinositol_phosphatase_SAC1_(AHRD_V1_***_D0NSZ0_PHYIN)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002013_Synaptojanin_N-
Solyco10g076580.1.1	-5.58878	0.000209 terminal #Solyco2g071520.2.1_RAG1-activating_protein_1_homolog_(AHRD_V1_***_R1AP1_DICDI)_contains_Interpro_domain(s)_IPR018179_RAG1-
Solyco02g071520.2.1	-5.41077	0.001653 activating_protein_1_homologue
Solyco1g005530.2.1	-5.27537	0.000333 #Solyco1g005530.2.1_Genomic_DNA_chromosome_3_P1_clone_MRP15_(AHRD_V1_***_Q9LJE3_ARATH)
Solyco07g048070.2.1	-5.23777	0.000874 _B6U5U8_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR017214_Unccharacterised_conserved_protein_UCP037471 #Solyco09g0042260.2.1_ATP_binding__serine
Solyco09g042260.2.1	-5.16194	0.001017 threonine_kinase_(AHRD_V1_***_C5DB71_VITVI)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002290_Serine/threonine_protein_kinase
Solyco05g010800.2.1	-5.01287	0.000977 #Solyco05g010800.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyco03g007290.2.1	-4.99297	0.000141 #Solyco03g007290.2.1_Trehalose_6-phosphate_phosphatase_(AHRD_V1_***_D4QAK5_TOBAC)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003337_Trehalose_phosphatase
Solyco10g008390.1.1	-4.93562	0.002458 Phosphoadenosine_phosphosulfate_reductase_(AHRD_V1_***_NG_B0U6V9); contains_Interpro_domain(s)_IPR002500_Phosphoadenosine_phosphosulphate_reductase
Solyco07g064940.2.1	-4.92784	0.000226 #Solyco07g064940.2.1_Thioredoxin_family_protein_(AHRD_V1_***_Q1EPD8_MUSAC)_contains_Interpro_domain(s)_IPR013766_Thioredoxin_domain
Solyco1g086810.2.1	-4.91434	2.78E-05 #Solyco1g086810.2.1_Indole-3-acetyl_acid-amido_synthetase_GH3.8_(AHRD_V1_***_B6U4E2_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR004993_GH3_auxin-
Solyco04g007660.1.1	-4.868	0.002186 30_Glucuronidase/LRE_like_region #Solyco09g013150.2.1_Vesicular_glutamate_transporter_3_(AHRD_V1_***_-
Solyco09g013150.2.1	-4.83756	0.000378 *_B5AU16_DANRE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR016196_Major_facilitator_superfamily_general_substrate_transporter
Solyco05g007750.2.1	-4.66717	0.002209 #Solyco05g007750.2.1_Anaphase_promoting_complex_subunit_2_(AHRD_V1_***_Q3U430_MOUSE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001373_Cullin_N-terminal
Solyco1g087040.2.1	-4.55363	0.001113 Thylakoid_luminal_19_kDa_protein_chloroplastic_(AHRD_V1_***_NP_282658); contains_Interpro_domain(s)_IPR016123_Mog1/PsbP_alpha/beta/alpha sandwich
Solyco04g050050.2.1	-4.54842	0.00436 #Solyco04g050050.2.1_Calmodulin-binding_protein_(AHRD_V1_***_C5HYF8_BRARP)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000048_IQ_calmodulin-binding_region
Solyco04g076080.2.1	-4.54526	0.000751 #Solyco04g076080.2.1_Chaperone_protein_dnaj_(AHRD_V1_***_B6U39_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001623_Heat_shock_protein_Dnaj_N-terminal
Solyco04g025170.2.1	-4.51493	0.000479 ABC_transporter_G_family_member_28_(AHRD_V1 *** NG_Q9FF46); contains_Interpro_domain(s)_IPR003439_ABC_transporter-like
Solyco06g072370.2.1	-4.46419	0.002493 #Solyco06g072370.2.1_GAGA-binding_transcriptional_activator_(AHRD_V1_***_Q2PQS1_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR010409_GAGA_binding-like
Solyco02g092860.2.1	-4.43938	0.001462 domain(s)_IPR020401_Cytochrome_P450_E-class_group_I
Solyco12g038130.1.1	-4.37337	0.001416 #Solyco12g038130.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyco04g009830.2.1	-4.32954	0.00015 #Solyco04g009830.2.1_Stress_responsive_gene_6_protein_Srg6_(AHRD_V1_***_Q8VWH9_HORVU)_contains_Interpro_domain(s)_IPR008895_YL1_nuclear #Solyco1g084950.1.1_Solute_carrier_family_15_member_4_(AHRD_V1_***_S15A4_XENLA)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000109_TGF-
Solyco10g084950.1.1	-4.31662	0.001516 beta_receptor_type_I/II_extracellular_region #Solyco2g067790.2.1_Nitrate_transporter_(AHRD_V1_***_Q5K409_9ROSI)_contains_Interpro_domain(s)_IPR016196_Major_facilitator_superfamily_general_substrate
Solyco02g067790.2.1	-4.29572	0.000417 _transporter
Solyco03g111270.2.1	-4.17064	0.00283 #Solyco03g111270.2.1_DNA_binding_protein_(AHRD_V1_***_B6T3K5_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR018276_Ubiquitin_ligase_Det1/DB1-complexing
Solyco07g054830.2.1	-4.14633	0.002687 Diacylglycerol_kinase_(AHRD_V1_***_Q9FVD1_SOLLC); contains_Interpro_domain(s)_IPR016961_Diacylglycerol_kinase_plant
Solyco10g086480.1.1	-4.0636	4.89E-05 Protein_nutam homolog_(AHRD_V1_***_Q6P988); contains_Interpro_domain(s)_IPR004963_Pectinacetyltransferase
Solyco03g031620.2.1	-4.03959	0.000692 Adenyl-sulfate_reductase_(AHRD_V1_***_C5D72Q8_SOLCC); contains_Interpro_domain(s)_IPR004508_Thioredoxin-independent_5'-adenylylsulphate_reductase
Solyco1g009760.2.1	-3.98962	0.000286 GRAM_domain-containing_protein /ABA-responsive_protein-related_(AHRD_V1 *** NG_ATG513200.1); contains_Interpro_domain(s)_IPR004182_GRAM
Solyco02g083580.2.1	-3.96634	0.002108 #Solyco02g083580.2.1_Ras-like_GTP-binding_protein_RHO_(AHRD_V1_***_RHO_APLCA)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003578_Ras_small_GTPase_Rho_type
Solyco11g065700.1.1	-3.95817	0.003502 binding_transcription_factor_subunit_B
Solyco03g117270.1.1	-3.93125	0.001648 #Solyco03g117270.1.1_F-box_family_protein_(AHRD_V1_***_B9HV09_POPTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001810_Cyclin-like_F-box
Solyco05g052280.2.1	-3.92177	0.001372 #Solyco05g052280.2.1_Peroxidase_(AHRD_V1_***_B9VRK9_CAPON)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002016_Haem_peroxidase_plant/fungal/bacterial
Solyco10g085300.1.1	-3.91783	0.000254 Unknown_Protein_(AHRD_V1); contains_Interpro_domain(s)_IPR007493_Protein_of_unknown_function_DUF538 #Solyco03g123430.2.1_AP2-like_ethylene-responsive_transcription_factor_At1g16060_(AHRD_V1_***_-
Solyco03g123430.2.1	-3.9095	0.001817 _AP2L1_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001471_Pathogenesis-related_transcriptional_factor_and_ERF_Dg
Solyco03g097570.2.1	-3.90134	0.001496 nucleotide_MtN3 family_protein_(AHRD_V1_***_NG_ATG348740.1); contains_Interpro_domain(s)_IPR018179_RAG1-activating_protein_1_homologue
Solyco11g007500.1.1	-3.90045	0.000291 glycosyltransferase/transferring_glycosyl groups_(AHRD_V1_***_ATG436770.1); contains_Interpro_domain(s)_IPR002213 UDP-glucuronosyl/UDP-

Solyc10g079890.1.1	-3.87193	0.002284 #Solyc10g079890.1.1_Calpain-2_catalytic_subunit_(AHRD_V1_***_CAN2_CHICK)_contains_Interpro_domain(s)_IPR011992_EF-Hand_type
Solyc09g080470.2.1	-3.86216	0.001792 #Solyc09g080470.2.1_Splicing_factor_3a_subunit_2_(AHRD_V1_***_D8U746_VOLCA)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000690_Zinc_finger_C2H2-type_matri
Solyc04g016000.2.1	-3.83172	0.001411 Heat stress transcription factor B-3 (AHRD V1 ***G O22230); contains Interpro domain(s) IPR000232 Heat shock factor (HSF)-type, DNA-binding #Solyc05g011930.2.1_Heat_shock_protein_binding_protein_(AHRD_V1_***
Solyc05g011930.2.1	-3.82874	0.003501 _D7KWX9_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001623_Heat_shock_protein_DnaJ_N-terminal
Solyc03g082470.2.1	-3.81742	0.002191 #Solyc03g082470.2.1_Receptor_like_kinase_RLK
Solyc11g073200.1.1	-3.80703	0.002328 #Solyc11g073200.1.1_Legumin_11S-globulin_(AHRD_V1_***_Q39770_GINBI)_contains_Interpro_domain(s)_IPR014710_RmlC-like_jelly_roll_fold
Solyc02g078020.2.1	-3.80673	0.002662 #Solyc02g078020.2.1_Binding_protein_(Fragment)_(_AHRD_V1_***_D7KCU4_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR019458_Telomerase_activating_protein_Est1
Solyc06g069280.2.1	-3.80173	0.002952 #Solyc06g069280.2.1_Protein_LSM14_homolog_A_(AHRD_V1_***_LS14A_PONAB)_contains_Interpro_domain(s)_IPR019053_FFD_and_TFG_box_motifs #Solyc12g09790.1.1_Calcium-dependent_protein_kinase_17_(AHRD_V1_***
Solyc12g099790.1.1	-3.7776	0.002531 _Q6KC53_NICPL)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002290_Serine/threonine_protein_kinase
Solyc10g085890.1.1	-3.69353	0.004405 #Solyc10g085890.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1_***
Solyc03g044820.2.1	-3.68226	0.004438 #Solyc03g044820.2.1_Methyl_jasmonate_esterase_(AHRD_V1_***_Q56SE1_SOLTU)
Solyc05g005310.1.1	-3.65601	0.00072 #Solyc05g005310.1.1_NEJD8-specific_protease_2_(AHRD_V1_***_B2VZK5_PYRTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003653_Peptidase_C48_SUMO/Sentrin/Ubl1
Solyc02g091780.1.1	-3.63627	0.002686 #Solyc02g091780.1.1_Kinesin-like_protein_(AHRD_V1_***_Q9SCJ4_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001752_Kinesin_motor_region
Solyc02g088280.2.1	-3.60487	0.003221 #Solyc02g088280.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1_*** #Solyc10g076700.1.1_Rhodanese-like_family_protein_like_protein_(Fragment)_(_AHRD_V1_***
Solyc10g076700.1.1	-3.60045	0.003067 _AT7KNZ_GOSBA)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001763_Rhodanese-like
Solyc02g092230.2.1	-3.59573	0.003393 #Solyc02g092230.2.1_Adiponectin_receptor_2_(AHRD_V1_***_Q3TYU5_DANRE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR004254_Hly-III_related
Solyc01g008980.2.1	-3.59006	0.003113 #Solyc01g008980.2.1_BZIP_transcription_factor_(AHRD_V1_***_Q32WR6_MALDO)_contains_Interpro_domain(s)_IPR011616_bZIP_transcription_factor_bZIP-1
Solyc04g051560.1.1	-3.58631	0.003918 #Solyc04g051560.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1_*** #Solyc06g068880.2.1_Serine_carboxypeptidase_1_(AHRD_V1_***_B6U0V5_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001563_Peptidase_S10_serine_carboxypeptida
Solyc06g068880.2.1	-3.57202	0.000341 se
Solyc01g086670.2.1	-3.57076	0.004719 #Solyc01g086670.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1_*** #Solyc01g086440.2.1_Calcium-
Solyc01g08440.2.1	-3.56726	0.001032 dependent_protein_kinase_8_(AHRD_V1_***_Q6KC54_NICPL)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002290_Serine/threonine_protein_kinase
Solyc09g020010.1.1	-3.56707	0.001527 #Solyc09g020010.1.1_Genomic_DNA_chromosome_5_P1_clone_MXC9_(AHRD_V1_***_Q9FMPO_ARATH)
Solyc08g06150.2.1	-3.56171	9.69E-05 #Solyc08g06150.2.1_Chac_cation_transport_regulator-like_1_(AHRD_V1_***_A8KB8B_DANRE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006840_ChacC-like_protein
Solyc04g009600.2.1	-3.54356	0.001777 #Solyc04g009600.2.1_TRAF-type_zinc_finger_family_protein_(AHRD_V1_***_Q2QWV7_ORYSJ)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001293_Zinc_finger_TRAF-type #Solyc12g016190.1.1_High_mobility_group_family_(Fragment)_(_AHRD_V1_***_B9GF2X_POPTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001606_AT-
Solyc12g016190.1.1	-3.53962	0.000841 rich_interaction_region
Solyc11g010840.1.1	-3.47337	0.003431 #Solyc11g010840.1.1_Poly(RC)_binding_protein_3_(AHRD_V1_***_Q5MPJ6_HUMAN)_contains_Interpro_domain(s)_IPR018111_K_Homology_type_1_subgroup #Solyc08g063130.2.1_Monoxygenase_FAD-binding_protein_(AHRD_V1_***_Q1B616_MYCSS)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003042_Aromatic-ring_hydroxylase
Solyc08g063130.2.1	-3.47056	0.004608 like #Solyc12g036130.1.1_Multidrug_resistance_protein_ABC_transporter_family_(AHRD_V1_***-
Solyc12g036130.1.1	-3.44059	0.001684 _B9191_POPTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001140_ABC_transporter_transmembrane_region
Solyc10g047960.1.1	-3.44055	0.003124 #Solyc10g047960.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1_*** #Solyc10g083780.1.1_Vacuolar_protein-sorting-associated_protein_37_homolog_1_(AHRD_V1_***-
Solyc10g083780.1.1	-3.42258	0.003837 _VP371_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR009851_Modifier_of_rudimentary_Modr
Solyc03g114940.2.1	-3.41756	0.003052 #Solyc03g114940.2.1_Cytochrome_P450 #Solyc09g009130.2.1_Dehydrogenase/reductase_SDR_family_member_12_(AHRD_V1_***_C0HAG0_SALSA)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002198_Short-
Solyc05g009130.2.1	-3.41313	0.001323 chain_dehydrogenase/reductase_SDR
Solyc03g026040.2.1	-3.40436	0.00365 #Solyc03g026040.2.1_Receptor_like_kinase_RLK
Solyc02g069940.2.1	-3.39501	0.001165 WPP domain-associated protein (Fragment) (AHRD V1 ***NG Q5BQN5)
Solyc01g100600.2.1	-3.37698	0.002448 #Solyc01g100600.2.1_Kelch_domain-containing_protein_3_(AHRD_V1_***_B0W5R4_CULQU)_contains_Interpro_domain(s)_IPR015915_Kelch-type_beta_propeller
Solyc01g009160.2.1	-3.35213	0.000467 #Solyc10g009160.2.1_Bromodomain_protein_(AHRD_V1_***_B9H245_POPTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001487_Bromodomain #Solyc06g065990.1.1_ATP_synthase_subunit_bapos_(AHRD_V1_***
Solyc06g065990.1.1	-3.34736	0.00269 _D8G477_9CYAN)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002146_ATPase_F0_complex_subunit_B/B bacterial_and_chloroplast
Solyc03g120770.2.1	-3.32742	7.35E-05 phox_PX_domain-containing_protein (AHRD V1 ***NG AT1G15240.2); contains Interpro domain(s) IPR001683 Phox-like #Solyc12g010680.1.1_Ribosomal-protein-alanine_acetyltransferase_(AHRD_V1_***_D2RG79_ARCPA)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000182_GCN5-related_N-
Solyc12g010680.1.1	-3.32069	7.39E-05 acetyltransferase #Solyc05g02050.1.1_Ethylene_responsive_transcription_factor_1a_(AHRD_V1_***_D1MWZ3_CITLA)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001471_Pathogenesis-
Solyc05g02050.1.1	-3.32045	0.004706 related_transcriptional_factor_and_ERF_DNA-binding
Solyc01g007990.2.1	-3.29019	0.001231 #Solyc01g007990.2.1_RLK_Receptor_like_protein_putative_resistance_protein_with_an_antifungal_domain #Solyc04g008360.2.1_CONSTANS_interacting_protein_6_(Fragment)_(_AHRD_V1_***
Solyc04g008360.2.1	-3.26424	0.000801 _Q2VY13_SOLLC)_contains_Interpro_domain(s)_IPR004082_Protein_of_unknown_function_DUF1423_plant
Solyc03g033310.2.1	-3.25907	0.001278 #Solyc03g033310.2.1_RNA-binding_protein_(AHRD_V1_***_B6JZH8_SCHUY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR012677_Nucleotide-binding_alpha-beta_plait
Solyc11g042880.1.1	-3.25307	0.001952 #Solyc11g042880.1.1_Harpin-induced_protein_(AHRD_V1_***_B6TDG9_MAIZE) #Solyc01g098020.2.1_Acetyltransferase_GNAT_family_protein_expressed_(AHRD_V1_***_Q75GC2_ORYSJ)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000182_GCN5-
Solyc01g098020.2.1	-3.23687	0.002266 related_N-acetyltransferase
Solyc02g078450.2.1	-3.22653	0.003398 #Solyc02g078450.2.1_Tetraspanin_family_protein_(AHRD_V1_***_B6TTZ1_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000301_Tetraspanin_subgroup
Solyc12g096320.1.1	-3.22028	0.002035 #Solyc12g096320.1.1_Chac_cation_transport_regulator-like_1_(AHRD_V1_***_A8KB8B_DANRE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006840_ChacC-like_protein
Solyc10g012170.2.1	-3.20194	0.001877 #Solyc10g012170.2.1_Receptor_like_kinase_(AHRD_V1_***_A7VM39_MARPO)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002290_Serine/threonine_protein_kinase #Solyc01g05670.2.1_Disease-associated_protein_(AHRD_V1_***_D1GE62_BRARP)
Solyc05g054940.2.1	-3.16078	0.004074 nitinase_N-acetyltransferase
Solyc01g080270.2.1	-3.15885	0.001659 #Solyc01g080270.2.1_Alpha/beta_hydrolase_(AHRD_V1_***_C4IG9_CLOBU)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000073_Alpha/beta_hydrolase_fold-1
Solyc11g011370.1.1	-3.14365	0.001037 Condensin_complex_subunit 3 (AHRD V1 ***NG Q9YHB5); contains Interpro domain(s) IPR016244 Armadillo-type_fold
Solyc03g044060.2.1	-3.14021	0.003923 #Solyc03g044060.2.1_Fineman_3_(AHRD_V1_***_DQ0QAN4_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR015425_Actin-binding_FH2 #Solyc01g079800.2.1_ATP-dependent_RNA_helicase_(AHRD_V1_***
Solyc01g079800.2.1	-3.13713	0.000221 _A0YW89_LYNSP)_contains_Interpro_domain(s)_IPR011545_DNA/RNA_helicase_DEAD/DEAH_box_type_N-terminal
Solyc01g080510.2.1	-3.12849	0.000192 Unknown Protein (AHRD V1) #Solyc09g068430.2.1_Galactosylgalactosylxylosylprotein_3-beta-glucuronosyltransferase_1_(AHRD_V1_***
Solyc08g068430.2.1	-3.12242	0.003614 _B6UV03_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR005027_Glycosyl_transferase_family_43 #Solyc02g072000.2.1_Heat_stress_transcription_factor_A3_(AHRD_V1_***_D1M7W9_SOLLC)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000232_Heat_shock_factor_(HSF)-
Solyc02g072000.2.1	-3.1177	0.000742 type_DNA-binding
Solyc05g053100.2.1	-3.11278	0.002774 #Solyc05g053100.2.1_Dihydrolipoyl_dehydrogenase_(AHRD_V1_***_B9RZN2_RICCO)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006258_Dihydrolipoamide_dehydrogenase
Solyc08g068730.1.1	-3.11101	0.000785 #Solyc08g068730.1.1_N-acetyltransferase_(AHRD_V1_***_B6SUK9_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000182_GCN5-related_N-acetyltransferase #Solyc03g111160.2.1_Dual-specificity_protein-like_phosphatase_3_(AHRD_V1_***
Solyc03g111160.2.1	-3.10236	0.001171 _Q34H45_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR020422_Dual_specificity_phosphatase_subgroup_catalytic_domain #Solyc01g100800.1.1_Pentatricopeptide_repeat-containing_protein_(AHRD_V1_***
Solyc01g100800.1.1	-3.09924	0.000712 _D7KB47_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002885_Pentatricopeptide_repeat
Solyc08g076090.2.1	-3.09524	4.69E-05 #Solyc08g076090.2.1_At1g32160/F3C5_6_(AHRD_V1_***_Q9FVR1_6_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR008479_Protein_of_unknown_function_DUF760
Solyc09g082140.2.1	-3.04016	8.45E-05 #Solyc09g082140.2.1_CDPK_adapter_protein_(AHRD_V1_***_Q94F64_MESCR)
Solyc01g080090.2.1	-3.03448	0.002292 #Solyc01g080090.2.1_Zinc_finger_RING-type_protein_(AHRD_V1_***_B3U249_CUCSA)
Solyc02g065000.1.1	-3.03012	0.000116 #Solyc02g065000.1.1_Calmodulin-like_protein_(AHRD_V1_***_Q67TZA4_ORYSJ)_contains_Interpro_domain(s)_IPR011992_EF-Hand_type #Solyc11g005200.1.1_Proly_4-hydroxylase_alpha-2_subunit_(AHRD_V1_***_B6TD48_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006620_Proly_4-
Solyc11g005200.1.1	-3.00936	0.003749 hydroxylase_alpha_subunit
Solyc08g016000.1.1	-3.00362	0.000235 #Solyc08g016000.1.1_Hypothetical_chloroplast_RF1_(AHRD_V1_***_D7P347_SYZCU)_contains_Interpro_domain(s)_IPR008896_Ycf1 #Solyc08g068600.2.1_Decarboxylase_family_protein_(AHRD_V1_***_B1ILJ6_CLOBK)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002129_Pyridoxal_phosphate-
Solyc08g068600.2.1	-2.99464	0.00475 dependent_decarboxylase #Solyc04g082360.1.1_F-box_domain-containing_protein_expressed_(AHRD_V1_***
Solyc04g082360.1.1	-2.95528	0.004807 _Q2R13_ORYSJ)_contains_Interpro_domain(s)_IPR005174_Protein_of_unknown_function_DUF295
Solyc08g068070.2.1	-2.94141	0.002331 #Solyc08g068070.2.1_Globin_(AHRD_V1_***_CBWRW6_ALID)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001486_Globin_truncated_bacterial-like
Solyc07g064690.1.1	-2.92559	0.003045 #Solyc07g064690.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)_contains_Interpro_domain(s)_IPR011719_Conerved_hypothetical_protein_CHP02058
Solyc05g012370.2.1	-2.92152	0.002444 #Solyc05g012370.2.1_Hydrolase_alpha/beta_fold_family_protein_(AHRD_V1_***_D7MJQ7_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000639_Epoxide_hydrolase-like
Solyc11g005880.1.1	-2.91104	0.00163 NADH-ubiquinone oxidoreductase-related (AHRD V1 ***NG AT3G62790.1)
Solyc02g091700.2.1	-2.89149	0.001931 #Solyc02g091700.2.1_Hydroxyproline-rich_glycoprotein_(AHRD_V1_***_A9YWR1_MEDTR)
Solyc11g012970.1.1	-2.88276	0.000319 Aminocyclase-1 (AHRD V1 ***G P37111); contains Interpro domain(s) IPR010159_N-acyl-L-amino-acid amidohydrolase
Solyc05g008340.2.1	-2.86776	0.000229 Xylosyltransferase 1 (AHRD V1 ***NG Q5QQ56); contains Interpro domain(s) IPR003406 Glycosyl transferase, family 14
Solyc04g080720.2.1	-2.85596	0.000598 #Solyc04g080720.2.1_WD-repeat_protein_(AHRD_V1_***_BOC29_ACAM1)_contains_Interpro_domain(s)_IPR020472_G-protein_beta_WD-40_repeat_region #Solyc01g091900.2.1_Peroxisomal_membrane_protein_PEX16_(AHRD_V1_***
Solyc01g091900.2.1	-2.85533	0.003646 _B0XL48_CULQU)_contains_Interpro_domain(s)_IPR013919_Peroxisome_membrane_protein_Pex16 DNA-directed RNA polymerases I, II, and III subunit RPABC1 (AHRD V1 ***G B0BNE2); contains Interpro domain(s) IPR014381 DNA-directed RNA polymerase, RPBS
Solyc05g051790.2.1	-2.85409	0.000577 subunit #Solyc05g051790.2.1_Pentatricopeptide_repeat-containing_protein_(AHRD_V1_***
Solyc09g015370.1.1	-2.85321	0.000281 _D7LJ24_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002885_Pentatricopeptide_repeat

Solyc01g103980.2.1	-2.84765	0.000122 #Solyc01g103980.2.1_RING_finger_protein_170_(AHRD_V1_**-B5X7S9_SALSA)_contains_Interpro_domain(s)_IPR018957_Zinc_finger_C3HC4_RING-type #Solyc03g078490.2.1_UDP-glucuronosyltransferase_(AHRD_V1_**-Q5UB81_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002213_UDP-glucuronosyl/UDP-
Solyc03g078490.2.1	-2.83584	7.94E-05 glycosyltransferase
Solyc06g075610.1.1	-2.83491	0.003376 #Solyc06g075610.1.1_Exocyst_complex_component_7_(AHRD_V1_**-EXOC7_DROME)_contains_Interpro_domain(s)_IPR004140_Exo70_exocyst_complex_subunit #Solyc03g061600.2.1_Cell_division_cycle_protein_27/anaphase_promoting_complex_subunit_3_(AHRD_V1_**-
Solyc03g061600.2.1	-2.83058	0.001109 _A8NH71_COPC7)_contains_Interpro_domain(s)_IPR011990_Tetratricopeptide-like_helical
Solyc03g116040.2.1	-2.82931	0.000792 #Solyc03g116040.2.1_Exostosin_family-like_protein_(AHRD_V1_**-Q6Z527_ORYSJ)_contains_Interpro_domain(s)_IPR004263_Exostosin-like
Solyc02g067390.2.1	-2.81144	0.002805 nucleic acid binding / oxidoreductase (AHRD_V1_**-G_AT3G01210.1); contains_Interpro_domain(s)_IPR001395_Aldo/keto_reductase
Solyc03g044160.1.1	-2.8073	0.000529 Kinase-like protein (Fragment) (AHRD_V1_**-G_C7A7P3_CORAV); contains_Interpro_domain(s)_IPR002290_Serine/threonine_protein_kinase #Solyc04g008570.2.1_Pentatricopeptide_repeat-containing_protein_(AHRD_V1_**-
Solyc04g008570.2.1	-2.79582	0.002411 _D7M5W2_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002885_Pentatricopeptide_repeat #Solyc02g011760.1.1_Photosystem_I_iron-sulfur_center_(AHRD_V1_**-D3WCL0_PHOSE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001450_4Fe-4S_ferrodoxin_iron-
Solyc02g011760.1.1	-2.78922	9.15E-06 sulphur_binding_subgroup
Solyc04g018080.2.1	-2.77656	0.001504 #Solyc04g018080.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1) #Solyc06g063180.1.1_Glutamate-gated_kainate-
Solyc06g063180.1.1	-2.77097	0.000707 type_iон_channel_receptor_subunit_GluR5_(AHRD_V1_***-B9HB97_POPTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR017103_Ionotropic_glutamate-like_receptor_plant #Solyc06g063180.1.1_myb_family_transcription_factor_(AHRD_V1_**-G_AT2G01060.1); contains_Interpro_domain(s)_IPR006447_Myb-like_DNA-binding_region_SHAQKYF_class
Solyc09g050090.1.1	-2.77052	0.000186 myb_family_transcription_factor_(AHRD_V1_**-G_AT2G01060.1); contains_Interpro_domain(s)_IPR006447_Myb-like_DNA-binding_region_SHAQKYF_class
Solyc09g050090.1.1	-2.75909	0.000879 #Solyc09g050090.1.1_Unccharactized_8.8_kDa_protein_in_ps12-TRNA-Val_intergenic_region_(AHRD_V1_***-YCX1_CALFG) #Solyc02g092710.2.1_Prolyl_4-hydroxylase_alpha-2_subunit_(AHRD_V1_***-B6TYA6_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006620_Prolyl_4-
Solyc02g092710.2.1	-2.75839	0.002116 hydroxylase_alpha_subunit
Solyc03g025110.1.1	-2.75088	0.004124 #Solyc03g025110.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1) #Solyc11g044260.1.1_Glutathione-regulated_potassium-efflux_system_protein_(AHRD_V1_**-
Solyc11g044260.1.1	-2.74521	0.00251 _Q73FS4_WOLPOL)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006153_Cation/H+_exchanger
Solyc12g005280.1.1	-2.73994	0.001092 #Solyc12g005280.1.1_tRNA-methyltransferase_(AHRD_V1_**-Q54WD6_DICDI)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003402_Protein_of_unknown_function_Met10 #Solyc05g005930.1.1_UDP-glucosyltransferase_(AHRD_V1_**-B3V156_STERE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002213_UDP-glucuronosyl/UDP-
Solyc05g005930.1.1	-2.73784	0.000645 glucosyltransferase
Solyc09g010880.2.1	-2.72841	0.002126 #Solyc09g010880.2.1_Rhomboid_family_protein_(AHRD_V1_***-D7LUM3_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002610_Peptidase_S54_rhomboid
Solyc06g073160.2.1	-2.72154	0.00242 #Solyc06g073160.2.1_Genomic_DNA_chromosome_5_P1_clone_MNF13_(AHRD_V1_***-Q9FM45_ARATH)
Solyc03g116330.2.1	-2.71917	0.002676 #Solyc03g116330.2.1_Homology_to_unknown_gene_(AHRD_V1_***-Q014A6_OSTTA) #Solyc05g052160.2.1_Translocase_of_chloroplast_34_(AHRD_V1_**-
Solyc05g052160.2.1	-2.70525	0.00429 _B6TBT7_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR005688_Chloroplast_protein_import_component_Toc34 #Solyc08g006410.2.1_UDP-glucose_glucosyltransferase_(AHRD_V1_***-B6EWX8_LYCBA)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002213_UDP-glucuronosyl/UDP-
Solyc08g006410.2.1	-2.70227	0.00116 glucosyltransferase #Solyc12g011400.1.1_Pentatricopeptide_repeat-containing_protein_(AHRD_V1_***-
Solyc12g011400.1.1	-2.69719	0.001001 _D7M3D7_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002885_Pentatricopeptide_repeat #Solyc01g057200.2.1_Pentatricopeptide_repeat-containing_protein_(AHRD_V1_***-
Solyc01g057200.2.1	-2.68615	0.001869 _D7MMK8_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002885_Pentatricopeptide_repeat
Solyc11g065950.1.1	-2.67637	0.000678 #Solyc11g065950.1.1_Receptor-like_protein_kinase_(AHRD_V1_**-Q9FP2_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002290_Serine/threonine_protein_kinase
Solyc09g075140.2.1	-2.67467	0.00404 #Solyc09g075140.2.1_Lipase-like_protein_(AHRD_V1_**-Q9M3D1_ARATH)
Solyc08g005780.2.1	-2.65927	0.000974 #Solyc08g005780.2.1_Beta-amylase_(AHRD_V1_***-B6SVZ0_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR013781_Glycoside_hydrolase_subgroup_catalytic_core
Solyc04g014820.2.1	-2.65095	0.00163 #Solyc04g014820.2.1_RNA_binding_protein_(AHRD_V1_**-B6TAS3_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR00504_RNA_recognition_motif_RNP_1
Solyc09g086250.1.1	-2.63194	0.000995 #Solyc09g086250.1.1_MYB_transcription_factor_(AHRD_V1_**-A9YY82_SOLTU)_contains_Interpro_domain(s)_IPR015495_Myb_transcription_factor
Solyc08g064700.2.1	-2.62524	6.01E-06 #Solyc08g064700.2.1_Zinc_finger_family_protein_(AHRD_V1_***-D7MB67_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR007087_Zinc_finger_C2H2-type
Solyc02g083470.2.1	-2.61502	0.000998 #Solyc02g083470.2.1_Pre-tRNA-processing_protein_ESF1_(AHRD_V1_**-C5FM19_NANOT)
Solyc12g044190.1.1	-2.59402	0.000536 #Solyc12g044190.1.1_Bufs-Irr_resistance_protein
Solyc09g010410.2.1	-2.58401	0.00095 #Solyc09g010410.2.1_BR11-KD_interacting_protein_130_(AHRD_V1_***-Q761Y4_ORYSJ) #Solyc11g058040.1.1_Cysteine_desulfurase_(AHRD_V1_**-
Solyc11g058040.1.1	-2.57444	0.0018 _A4A4I5_9GMAM)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000192_Aminotransferase_class_V/Cysteine_desulfurase
Solyc05g054150.2.1	-2.57326	0.002203 #Solyc05g054150.2.1_Ras-related_protein_Rab-25_(AHRD_V1_***-RAB25_MOUSE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR015595_Rab11-related
Solyc04g025650.2.1	-2.56825	0.000964 #Solyc04g025650.2.1_Monoxygenase_FAD-binding_(AHRD_V1_**-A1TC37_MYCVP)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003042_Aromatic-ring_hydroxylase-like
Solyc07g007180.2.1	-2.56641	0.003049 #Solyc07g007180.2.1_RING-H2_finger_protein_(AHRD_V1_**-B6TJA7_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR018957_Zinc_finger_C3HC4_RING-type
Solyc09g075680.1.1	-2.56346	0.00109 #Solyc09g075680.1.1_Gibberellin_receptor_GID1L2_(AHRD_V1_**-B6T2M3_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR013094_Alpha/beta_hydrolase_fold-3
Solyc07g018300.2.1	-2.55518	0.000441 Replication protein A 32 kDa subunit (AHRD_V1_**NG_Q63528); contains_Interpro_domain(s)_IPR014646 Replication protein A, subunit RPA32
Solyc05g052170.2.1	-2.54368	0.000175 GCN5-related_N-acetyltransferase GNAT family protein (AHRD_V1_**G_AT4G19985.1)
Solyc07g079860.1.1	-2.54172	0.003568 #Solyc07g079860.1.1_Beta-1_3-glucanase_(AHRD_V1_***-Q6V8V46_OLEEU)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000490_Glycoside_hydrolase_family_17
Solyc06g050790.2.1	-2.53953	0.00438 #Solyc06g050790.2.1_Amino_acid_transporter_(AHRD_V1_***-B9HY15_POPTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR013057_Amino_acid_transporter_transmembrane
Solyc03g053100.2.1	-2.53607	0.001004 ATP binding / microtubule motor (AHRD_V1_**NG_AT5G06670.1); contains_Interpro_domain(s)_IPR007520_Bull1_C-terminal
Solyc07g008660.1.1	-2.53462	0.000225 Receptor_like_protein_kinase_2 (AHRD_V1_***-N9QHLH4); contains_Interpro_domain(s)_IPR013210_Lecine-rich-repeat_N-terminal
Solyc01g110180.2.1	-2.53034	0.003182 #Solyc01g110180.2.1_Zinc_finger_protein_CONSTANS-LIKE_1_(AHRD_V1_**-COL1_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000315_Zinc_finger_B-box
Solyc03g034090.2.1	-2.52058	0.000579 #Solyc03g034090.2.1_BAC19.4_(AHRD_V1_***-Q9FYX2_SOLLCO)_contains_Interpro_domain(s)_IPR010608_Protein_of_unknown_function_DUF1195
Solyc02g068050.2.1	-2.51517	0.001219 SET domain-containing_protein (AHRD_V1_**NG_AT5G14260.2); contains_Interpro_domain(s)_IPR001214_SET #Solyc12g099390.1.1_Protein_DEHYDRATION-INDUCED_19_homolog_4_(AHRD_V1_***-
Solyc12g099390.1.1	-2.51455	5.9E-07 _D194_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR008598_Drought_induced_19
Solyc03g066310.2.1	-2.51141	0.004547 #Solyc03g066310.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc08g013900.2.1	-2.49947	0.001272 #Solyc08g013900.2.1_Nodule_inception_protein_(Fragment)_(AHRD_V1_**-A9DEME9_MEDTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003035_Plant_regulator_RWP-RK
Solyc01g087300.2.1	-2.49333	0.002724 #Solyc01g087300.2.1_tRNA-dihydrouridine_synthase_(AHRD_V1_***-D0HBH3_VIBMI)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001269_tRNA-dihydrouridine_synthase
Solyc07g006680.1.1	-2.49326	0.000111 #Solyc07g006680.1.1_Hydroxycinnamoyl_CoA_quinone_transferase_(AHRD_V1_***-D6BK25_CYNSC)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003480_Transferase #Solyc02g079020.2.1_AP2_domain-containing_transcription_factor_(AHRD_V1_**-
Solyc02g079020.2.1	-2.48464	0.002716 *-B9HWL7_POPTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003340_Transcriptional_factor_B3 #Solyc03g083010.2.1_Hydrolase_alpha/beta_fold_protein_(AHRD_V1_***-
Solyc03g083010.2.1	-2.48114	0.003356 _D7MSC9_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000073_Alpha/beta_hydrolase_fold-1
Solyc06g056300.1.1	-2.47568	0.000287 #Solyc06g056300.1.1_E3 ubiquitin-protein_ligase_arida_(AHRD_V1_**-RN11_XENTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001841_Zinc_finger_RING-type
Solyc04g074000.2.1	-2.46662	0.000978 #Solyc04g074000.2.1_Receptor_like_kinase_RLK #Solyc06g069730.2.1_Chlorophyll_a_b_binding_protein_4_chloroplastic_(AHRD_V1_***-CA4_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001344_Chlorophyll_A-
Solyc06g069730.2.1	-2.46185	0.003781 B_binding_protein #Solyc09g009010.1.1_Serine/threonine_protein_kinase_(AHRD_V1_***-C6ZRM5_SOYBN)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002290_Serine/threonine
Solyc05g009010.1.1	-2.446	0.001355 protein_kinase
Solyc01g056720.2.1	-2.44046	0.002341 #Solyc01g056720.2.1_Aquaporin_SIP12_(AHRD_V1_***-P93260_MOSPH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000425_Major_intrinsic_protein
Solyc05g014230.2.1	-2.43433	0.002509 #Solyc05g014230.2.1_Zinc_finger_protein_(AHRD_V1_**-D7KQC9_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001841_Zinc_finger_RING-type
Solyc11g008540.1.1	-2.42856	0.000231 #Solyc11g008540.1.1_Ribonuclease_3-like_protein_3_(AHRD_V1_**-RTL3_ORYSJ)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000999_Ribonuclease_III #Solyc10g070000.2.1_Ubiquitin-conjugating_enzyme_23_(AHRD_V1_**-D7L425_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000608_Ubiquitin-
Solyc10g070000.2.1	-2.42364	4.73E-06 conjugating_enzyme_E2 #Solyc08g081430.2.1_TIM2-like_protein_mitochondrial_(AHRD_V1_***-
Solyc08g081430.2.1	-2.42328	0.004023 _C3KHZJ_ANOF1)_contains_Interpro_domain(s)_IPR013261_Mitochondrial_inner_membrane_translocase_complex_subunit_Tim2 #Solyc09g011490.2.1_Glutathione_S-transferase_(AHRD_V1_***-A8DUB0_SOLLCO)_contains_Interpro_domain(s)_IPR004046_Glutathione_S-
Solyc09g011490.2.1	-2.42237	0.001571 transferase_C-terminal
Solyc07g007810.2.1	-2.41675	0.001523 Protein_MAK10 homolog (AHRD_V1_**NG_Q5ZH2V); contains_Interpro_domain(s)_IPR007244 Mak10 subunit, NatC N(alpha)-terminal acetyltransferase
Solyc01g007600.2.1	-2.41208	0.000299 Glycolate_oxidase_(AHRD_V1_**-P93260_MESCR); contains_Interpro_domain(s)_IPR017934 FMN-dependent_alpha-hydroxy acid dehydrogenase
Solyc04g056370.2.1	-2.40949	0.000517 #Solyc04g056370.2.1_Pentatricopeptide_repeat-containing_protein_A14g21190_(AHRD_V1_**-PP32_ARATH)
Solyc04g014770.1.1	-2.40618	0.004334 #Solyc04g014770.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc03g006100.2.1	-2.40493	0.002686 #Solyc03g006100.2.1_Receptor_like_kinase_RLK
Solyc03g115460.1.1	-2.40159	0.000765 #Solyc03g115460.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc01g078580.1.1	-2.40103	0.000311 Unknown_Protein_(AHRD_V1) #Solyc12g010650.1.1_Mitochondrial_transcription_termination_factor_family_protein_(AHRD_V1_***-
Solyc12g010650.1.1	-2.39138	0.002346 _D7M0N3_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR019333_Integrator_complex_subunit_3 Ran_GTPase_BINDING / chromatin_BINDING / zinc ion_BINDING (AHRD_V1_**-NG_AT5G19420.1); contains_Interpro_domain(s)_IPR009091_Regulator_of_chromosome
Solyc12g099740.1.1	-2.38921	0.001322 condensation/beta-lactamase-inhibitor_protein_ll
Solyc02g071000.1.1	-2.3869	0.00454 #Solyc02g071000.1.1_Chlorophyll_a/b_binding_protein_(AHRD_V1_***-Q41425_SOLTU)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001344_Chlorophyll_A-B_binding_protein
Solyc10g008240.2.1	-2.38452	0.001669 #Solyc10g008240.2.1_Cc-nbs-Irr_resistance_protein #Solyc11g071690.1.1_Cellular_nucleic_acid_binding_protein_(AHRD_V1_***-
Solyc11g071690.1.1	-2.38352	0.002424 _Q5Q0J9_MOUSE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR013084_Zinc_finger_CCHC_retroviral-type
Solyc03g095610.2.1	-2.38117	0.002447 #Solyc03g095610.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1_**- #Solyc09g086780.1.1_1-aminocyclopropane_1-carboxylate_oxidase_1_(AHRD_V1_**-
Solyc10g086780.1.1	-2.3796	0.004397 _ACCO1_MALDO)_contains_Interpro_domain(s)_IPR005123_Oxoglutarate_and_iron-dependent_oxygenase #Solyc02g069570.2.1_Pentatricopeptide_repeat-containing_protein_(AHRD_V1_**-
Solyc02g069570.2.1	-2.37916	0.000656 _D7LDK6_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002885_Pentatricopeptide_repeat

#Solyc0g064510.2.1 Transcriptional_activator_TenA_family_(AHRD_V1_**-_Q117V2_TRIE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR004305_TENA/THI-Solyc0g064510.2.1 -2,37369 0.000799 4_protein/Coenzyme_PQQ_biosynthesis_protein_C
Solyc0g043720.2.1 -2,37347 0.00375 #Solyc0g043720.2.1_BRICK1_(AHRD_V1_**-_A9YWR8_MEDTR)
Solyc11g071320.1.1 -2,36412 0.00035 #Solyc11g071320.1.1_50S_ribosomal_protein_L27_(AHRD_V1_**-_B6T4C5_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001684_Ribosomal_protein_L27
Solyc05g024430.2.1 -2,35556 0.001611 #Solyc05g024430.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
#Solyc07g056440.2.1_Glutathione_S-transferase-like_protein_(AHRD_V1_**-_08GVD1_SOLLC)_contains_Interpro_domain(s)_IPR004046_Glutathione_S-transferase_C-terminal
Solyc05g005060.2.1 -2,33051 0.002957 #Solyc05g005060.2.1_S-receptor_kinase_(AHRD_V1_**-_Q43393_BRANA)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002290_Serine/threonine_protein_kinase
Solyc12g006140.1.1 -2,31934 0.000256 Chlorophyll_a/b binding protein (AHRD_V1 **NG Q847M7_TOBAC); contains Interpro domain(s) IPR001344 Chlorophyll A/B binding protein
Solyc03g118200.2.1 -2,30531 0.004577 #Solyc03g118200.2.1_Copine-3_(AHRD_V1_**-_B6SK39_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR010734_Copine
Solyc01g102730.2.1 -2,30341 0.00147 #Solyc01g102730.2.1_Cinnamoyl-CoA_reductase_family_(AHRD_V1_**-_D7LQ28_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR016040_NAD(P)-binding_domain
Solyc02g084740.2.1 -2,29508 0.000447 Cytochrome P450 90C1 (AHRD_V1 **NG Q9M066); contains Interpro domain(s) IPR002403 Cytochrome P450, E-class, group IV
#Solyc09g063100.2.1_Ubiquitin_conjugating_enzyme_2_(AHRD_V1_**-_Q94FU3_SOLLC)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000608_Ubiquitin-conjugating_enzyme_E2
Solyc06g063100.2.1 -2,28965 0.002654 Pentatricopeptide repeat-containing_protein_(AHRD_V1_**-_#Solyc06g065500.2.1_D7LEW3_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002528_Multi_antimicrobial_extrusion_protein_MatE
#Solyc02g069250.2.1_Cinnamyl_alcohol_dehydrogenase
Solyc06g064810.2.1 -2,2836 0.000428 like_protein_(AHRD_V1_**-_ASPHZ1_POPTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002085_Alcohol_dehydrogenase_superfamily_zinc-containing
Solyc03g111170.2.1 -2,27106 0.001882 Unknown_Protein_(AHRD_V1); contains Interpro domain(s) IPR0006514 Protein of unknown function DUF579, plant
Solyc06g005710.2.1 -2,26907 0.004903 4-coumarate-coo_ligase_(AHRD_V1 **G B9J3N1_POPTR); contains Interpro domain(s) IPR000873 AMP-dependent synthetase and ligase
#Solyc06g005710.2.1_cDNA_clone_002-143-C11_ful_insert_sequence_(AHRD_V1_**-_B7F1B2_ORYSJ)_contains_Interpro_domain(s)_IPR016040_NAD(P)-binding_domain
Solyc06g005710.2.1 -2,26391 0.000338 binding_domain
Solyc04g010200.2.1 -2,25916 0.004492 #Solyc04g010200.2.1_RNA-binding_protein_(AHRD_V1_**-_D3TPM8_GLOMM)_contains_Interpro_domain(s)_IPR015464_RNA_recognition_motif-related
#Solyc04g057890.2.1_Ganglioside-induced_differentiation-associated_protein_1_(AHRD_V1_**-_#Solyc04g057890.2.1_Q78AN2_DANRE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR004045_Glutathione_S-transferase_N-terminal
Solyc02g070460.2.1 -2,25009 0.000406 #Solyc02g070460.2.1_Cullin_4_(AHRD_V1_**-_A9LK40_SOLLC)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001373_Cullin_N-terminal
Solyc05g013750.2.1 -2,24462 0.001166 Dual specificity protein phosphatase 4 (AHRD_V1 **NG Q9PW71); contains Interpro domain(s) IPR020422 Dual specificity phosphatase, subgroup, catalytic domain
PHS1 PROPYZAMIDE-HYPERSENSITIVE 1 phosphoprotein phosphatase/ protein tyrosine/serine/threonine phosphatase (AHRD_V1 **G AT5G23720.1); contains Interpro domain(s) IPR015275 Actin-fragmin kinase, catalytic
Solyc03g118350.2.1 -2,23794 0.000232 domain(s) IPR015275 Actin-fragmin kinase, catalytic
#Solyc11g022400.1.1_Phosphoribosylanthranilate_transferase_(Fragment)__(AHRD_V1_**-_#Solyc01g022400.1.1_Q43085_Polyphosphorylated_C-terminal_plant
Solyc01g058260.2.1 -2,23614 0.004286 #Solyc01g058260.2.1_Poly(A)_polymerase_(AHRD_V1_**-_Q56X9M_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR007012_Poly(A)_polymerase_central_region
Solyc01g095630.2.1 -2,23479 0.001798 #Solyc01g095630.2.1_WRKY_transcription_factor_(AHRD_V1_**-_D3YEX5_SOLLC)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003657_DNA-binding_WRKY
Solyc02g065540.2.1 -2,22281 0.004207 #Solyc02g065540.2.1_RING_finger_protein_5_(AHRD_V1_**-_B6TLS1_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR018957_Zinc_finger_C3HC4_RING-type
Solyc03g115100.2.1 -2,20736 0.000139 #Solyc03g115100.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc09g066500.2.1 -2,20074 0.001714 #Solyc09g066500.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
#Solyc11g071350.1.1_Aluminum-activated_malate_transporter_(Fragment)__(AHRD_V1_**-_#Solyc11g071350.1.1_Q07DP9_AEGSP)_contains_Interpro_domain(s)_IPR013583_Phosphoribosyltransferase_C-terminal_plant
Solyc01g058260.2.1 -2,18843 0.000108 _Q07DP9_AEGSP)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006214_Unclassified_protein_family_UPF0005
Solyc09g098130.1.1 -2,18831 0.003399 #Solyc09g098130.1.1_Cc-nbs-lrr_resistance_protein
Solyc09g008190.2.1 -2,18344 0.000907 #Solyc09g008190.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc03g081310.2.1 -2,1748 0.001074 #Solyc03g081310.2.1_Genomic_DNA_chromosome_5_TAC_clone_K18P6_(AHRD_V1_**-_Q9FLV2_ARATH)
#Solyc03g019900.2.1_Serine/threonine-protein_phosphatase_(AHRD_V1_**-_C6TK28_SOYBN)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006186_Serine/threonine-phosphatase
Solyc03g019900.2.1 -2,17054 0.002488 specific_protein_phosphatase_and_bis(5-nucleosyl)-tetraopeptide
#Solyc04g049140.2.1_Transcription_factor_jumonji_domain-containing_protein_(AHRD_V1_**-_#Solyc04g049140.2.1_Q07DP9_AEGSP)_contains_Interpro_domain(s)_IPR013129_Transcription_factor_jumonji
Solyc04g049140.2.1 -2,16742 0.002108 _D7M504_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR013129_Transcription_factor_jumonji
#Solyc05g005100.2.1_Os06g0207500_protein_(Fragment)__(AHRD_V1_**-_#Solyc05g005100.2.1_Q0DDQ9_ORYSJ)_contains_Interpro_domain(s)_IPR004253_Protein_of_unknown_function_DUF231_plant
Solyc04g071540.2.1 -2,16113 0.002522 #Solyc04g071540.2.1_Sterol_3-beta-glycosyltransferase_(AHRD_V1_**-_B6SKE1_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR004276_Glycosyl_transferase_family_28
Solyc04g071800.2.1 -2,1608 0.003191 #Solyc04g071800.2.1_Cytochrome_P450
#Solyc03g093490.2.1_WD-repeat_protein_(AHRD_V1_**-_Q6V5H1_SISIR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR011044_Quinoprotein_amine_dehydrogenase_beta-chain
Solyc06g072790.2.1 -2,15698 0.004661 like
#Solyc06g072790.2.1_RING_finger_protein_(AHRD_V1_**-_A1C428_ASPLC1)_contains_Interpro_domain(s)_IPR018957_Zinc_finger_C3HC4_RING-type
#Solyc11g007800.1.1_Ribonuclease_P/MRP_protein_subunit_(AHRD_V1_**-_#Solyc11g007800.1.1_Q07DP9_AEGSP)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001923_Ribonuclease_P/MRP_POP1
Solyc03g097080.1.1 -2,15471 0.00142 _A8NQR7_COPC7)_contains_Interpro_domain(s)_IPR009723_Ribonuclease_P/MRP_POP1
Solyc08g081810.2.1 -2,15277 0.003334 #Solyc08g081810.2.1_Cation/H+_antipporter_18_(AHRD_V1_**-_CHX18_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006153_Cation/H+_exchanger
Solyc01g010250.2.1 -2,14742 0.004366 #Solyc01g010250.2.1_6-phosphoglucuronacolonatase_(AHRD_V1_**-_B6UOH2_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR005900_6-phosphoglucuronacolonatase
cYP7-22-A15 electron carrier/ heme binding / iron ion binding / monooxygenase/ oxygen binding (AHRD_V1 **G AT3G14690.1); contains Interpro domain(s) IPR002401
Solyc10g051020.2.1 -2,14056 2,34E-06 Cytochrome P450, E-class, group I
ATGSTU8 GLUTATHIONE S-TRANSFERASE TAU 8 glutathione transferase (AHRD_V1 **G AT3G09270.1); contains Interpro domain(s) IPR004046 Glutathione S-transferase
Solyc09g011630.2.1 -2,14051 0.000774 transferase, C-terminal
Solyc03g114070.2.1 -2,13126 0.001425 #Solyc03g114070.2.1_Rac-like_GTP-binding_protein_4_(AHRD_V1_**-_B6TYX5_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003578_Ras_small_GTPase_Rho_type
Solyc03g097630.2.1 -2,12986 0.001248 #Solyc03g097630.2.1_Palmitoyltransferase-like_protein_(AHRD_V1_**-_C6YKK4_ORYSJ)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001594_Zinc_finger_DHHC-type
Solyc08g074580.2.1 -2,11752 0.004608 #Solyc08g074580.2.1_Cytoplasmic_tRNA_2-thiolation_protein_1_(AHRD_V1_**-_CTU1_ARATH)
Solyc05g013790.2.1 -2,11156 0.001632 Nucleoporin GLE1 (AHRD_V1 **NG Q6DRB1); contains Interpro domain(s) IPR012476 GLE1-like
#Solyc11g00040.2.1_Integrin-linked_kinase
Solyc01g100040.2.1 -2,11043 0.003371 associated_serine/threonine_phosphatase_2C_(AHRD_V1_**-_ILKAP_HUMAN)_contains_Interpro_domain(s)_IPR015655_Protein_phosphatase_2C
#Solyc04g050190.2.1_Transcriptional_activator_TenA_family_(AHRD_V1_**-_D2SGM4_GEOOG)_contains_Interpro_domain(s)_IPR004305_TENA/THI-
Solyc04g050190.2.1 -2,10996 0.003299 4_protein/Coenzyme_PQQ_biosynthesis_protein_C
#Solyc12g042900.1.1_Cytochrome_c_oxidase_subunit_Vb_(AHRD_V1_**-_#Solyc12g042900.1.1_Q0KK8_QEAE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002124_Cytochrome_c_oxidase_subunit_Vb
#Solyc01g111840.2.1_MFS-type_drug_efflux_transporter_P55_(AHRD_V1_**-_#Solyc01g111840.2.1_Q0KK8_QEAE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR016196_Major_facilitator_superfamily_general_substrate_transporter
Solyc11g066890.1.1 -2,10629 0.003218 _MFSS55_MYCTV)_contains_Interpro_domain(s)_IPR016196_Major_facilitator_superfamily_general_substrate_transporter
Solyc11g066890.1.1 -2,10406 0.000346 Arogenate/prephenate dehydratase (AHRD_V1 **G B9HOT5_POPTR); contains Interpro domain(s) IPR001086 Prephenate dehydratase
#Solyc03g117060.2.1_60S_ribosomal_protein_L7-like_protein_(AHRD_V1_**-_#Solyc03g117060.2.1_Q07DP9_AEGSP)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001923_Ribosomal_protein_L7_eukaryotic
Solyc03g090570.2.1 -2,09863 0.002647 _B3TM16_ELAGV)_contains_Interpro_domain(s)_IPR005998_Ribosomal_protein_L7_eukaryotic
Solyc09g090570.2.1 -2,09595 0.001596 #Solyc09g090570.2.1_Proton_gradient_regulation_5_(AHRD_V1_**-_B0F831_CUCSA)
Solyc03g006070.2.1 -2,09489 0.003144 #Solyc03g006070.2.1_Glycogen_synthase_kinase_(AHRD_V1_**-_C7AE95_SOYBN)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002290_Serine/threonine_protein_kinase
Solyc06g073490.1.1 -2,08933 0.001604 #Solyc06g073490.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
#Solyc09g097910.2.1_Polyribonucleotide_nucleotidyltransferase_(AHRD_V1_**-_#Solyc09g097910.2.1_Q07DP9_AEGSP)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003029_Ribosomal_protein_S1_RNA_binding_domain
#Solyc12g062250.1.1_5-apsams-AMP-activated_protein_kinase_beta_1_subunit_(AHRD_V1_**-_#Solyc12g062250.1.1_Q07DP9_AEGSP)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001478_Pdz/Dhr/GlfG
Solyc12g062250.1.1 -2,08683 0.001511 _C6LYW2_GIALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001478_Pdz/Dhr/GlfG
Solyc02g079750.2.1 -2,08582 0.002627 #Solyc02g079750.2.1_Flapoviren_wrbA_(AHRD_V1_**-_B6U724_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR010089_Flapoviren_WrbA
Solyc01g100410.2.1 -2,08454 0.001352 Iron-sulfur cluster assembly 2 homolog, mitochondrial (AHRD_V1 **NG Q9DCB8); contains Interpro domain(s) IPR016092 FeS cluster insertion
Solyc06g030530.2.1 -2,08257 0.0017 #Solyc06g030530.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc06g082710.2.1 -2,08053 0.004354 #Solyc06g082710.2.1_Nucleic_acid_binding_protein_(AHRD_V1_**-_B4FN92_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR004087_K_Homology
Solyc09g055310.2.1 -2,07874 0.001738 #Solyc09g055310.2.1_Ethylene-overproduction_protein_1_(AHRD_V1_**-_D7LYT2_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR011990_Tetratricopeptide-like_helical
Solyc04g071440.2.1 -2,07521 0.002284 #Solyc04g071440.2.1_Tubby-like_F-box_protein_8_(AHRD_V1_**-_TLP8_ORYSJ)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000007_Tubby_C-terminal
Solyc06g007770.2.1 -2,06984 0.00156 ER lumen protein retaining receptor family protein (AHRD_V1 **G AT3G25160.1); contains Interpro domain(s) IPR001133 ER lumen protein retaining receptor
Solyc03g111370.2.1 -2,06546 0.001003 #Solyc03g111370.2.1_Zinc_finger_protein_(AHRD_V1_**-_B6STE4_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR007087_Zinc_finger_C2H2-type
Solyc04g099340.2.1 -2,05902 0.002696 #Solyc04g099340.2.1_U-box_domain-containing_protein_62_(AHRD_V1_**-_PU62_ARATH)
Solyc08g082400.1.1 -2,05529 0.002235 #Solyc08g082400.1.1_Genome_sequencing_data_contig_C313_(AHRD_V1_**-_A8YHF7_MICA)
Solyc10g038190.1.1 -2,05142 0.003936 Protein_kinase_G11A (AHRD_V1 **G B6S190_MAIZE); contains Interpro domain(s) IPR002290 Serine/threonine_protein_kinase
Solyc07g039340.2.1 -2,05099 0.001168 #Solyc07g039340.2.1_Receptor-like_kinase_(AHRD_V1_**-_AVM33_MARPO)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002290_Serine/threonine_protein_kinase
Solyc02g085700.1.1 -2,05092 0.003024 #Solyc02g085700.1.1_Geranylgeranyl_pyrophosphate_synthase_(AHRD_V1_**-_D0FZ25_9ASTE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000092_Polypropenyl_synthetase
Solyc12g095860.1.1 -2,04449 0.000115 #Solyc12g095860.1.1_Cell_division_protein_kinase_2_(AHRD_V1_**-_B5X1T4_SALSA)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002290_Serine/threonine_protein_kinase
#Solyc05g073560.2.1_1sovaleryl-CoA_dehydrogenase_(AHRD_V1_**-_Q0MX57_BETVU)_contains_Interpro_domain(s)_IPR009100_Acyl-
Solyc06g073560.2.1 -2,04429 0.00179 CoA_dehydrogenase_oxidase_middle_and_N-terminal
Solyc10g006870.1.1 -2,03912 0.000576 Kinase-like_protein_(Fragment) (AHRD_V1 **G C7A7P2_CORAV); contains Interpro domain(s) IPR002290 Serine/threonine_protein_kinase
Solyc03g114950.2.1 -2,03874 1,63E-06 ABC_transporter_family_protein_(Fragment) (AHRD_V1 **NG B9N4E9_POPTR); contains Interpro domain(s) IPR001140 ABC_transporter, transmembrane_region
Solyc05g011830.2.1 -2,0362 0.001592 #Solyc05g011830.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
#Solyc11g045190.1.1_ATP-dependent_RNA_helicase_(AHRD_V1_**-_#Solyc11g045190.1.1_C2LJD4_PROMI)_contains_Interpro_domain(s)_IPR011545_DNA/RNA_helicase_DEAD/DEAH_box_type_N-terminal
Solyc01g058410.1.1 -2,03293 0.001203 #Solyc01g058410.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
Solyc11g032200.1.1 -2,03158 0.00379 #Solyc11g032200.1.1_Lipase_(AHRD_V1_**-_Q1XBG1_RICCO)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006693_AB-hydrolase_associated_lipase_region
Solyc08g075540.2.1 -2,03149 0.000861 #Solyc08g075540.2.1_Alternative_oxidase_(AHRD_V1_**-_Q84V47_SOLLC)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002680_Alternative_oxidase
Solyc09g059990.1.1 -2,0313 0.004158 #Solyc09g059990.1.1_Zinc_finger_family_protein_(AHRD_V1_**-_D7MVE2_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR018957_Zinc_finger_C3HC4_RING-type
#Solyc01g107830.2.1_UDP-glucosyltransferase_family_1_protein_(AHRD_V1_**-_C6K143_CITSI)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002213_UDP-glucuronosyl/UDP-glycosyltransferase
Solyc01g107830.2.1 -2,02103 0.004844 glucosyltransferase

SolyC02g014130.1.1	-2.02059	0.000743 *_C1BWGS_6_OYSL)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006569_Regulation_of_nuclear_pre-mRNA_protein
SolyC12g013890.1.1	-2.01892	0.003242 #SolyC12g013890.1.1_Genomic_DNA_chromosome_5_TAC_clone_K19P17_(AHRD_V1_***_Q9FN40_ARATH)
		#SolyC02g071450.2.1_1-aminoacylpropane_1-carboxylate_oxidase_1_(AHRD_V1_***_
SolyC02g071450.2.1	-2.01758	0.004762 _ACCO_1_MALDO)_contains_Interpro_domain(s)_IPR005123_Oxoglutarate_and_iron-dependent_oxygenase
SolyC02g078400.2.1	-2.01074	0.002937 #SolyC02g078400.2.1_Allantoinase_(AHRD_V1_***_Q6S49_ROBPS)_contains_Interpro_domain(s)_IPR017593_Allantoinase
SolyC07g072180.2.1	-2.00971	0.001028 Ras-like_GTP-binding_protein_(AHRD_V1_***_G_Q9SN35_ARATH); contains_Interpro_domain(s)_IPR015595_Rab11-related
SolyC06g076460.2.1	-2.00934	0.002771 Unknown_Protein_(AHRD_V1)
SolyC10g081240.1.1	-2.00483	0.001581 #SolyC10g081240.1.1_Protein_grpe_(AHRD_V1_***_B0CA8_ACAM1)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000740_GrpE_nucleotide_exchange_factor
SolyC02g078110.2.1	-2.00446	0.002946 #SolyC02g078110.2.1_Alpha_iduronidase_(AHRD_V1_***_Q5G66_PEA)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002007_Haem_peroxidase_animal
		#SolyC01g007440.1.1_Photosystem_I_reaction_center_subunit_IX_(AHRD_V1_***_
SolyC01g007440.1.1	-2.00356	1.85E-05 _Q06R45_9LAMI)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002615_Photosystem_I_reaction_centre_subunit_IX/_Psaj
SolyC07g056100.1.1	-	3.46E-08 #SolyC07g056100.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
SolyC12g014120.1.1	-	3.46E-08 #SolyC12g014120.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
SolyC05g005090.2.1	-	3.46E-08 #SolyC05g005090.2.1_Knotted-1-like_homeobox_protein_H1_(AHRD_V1_***_Q8GU6_TOBAC)_contains_Interpro_domain(s)_IPR005541_KNOX2
SolyC10g080410.1.1	-	3.46E-08 #SolyC10g080410.1.1_BZIP_transcription_factor_(AHRD_V1_***_Q93XMS_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR011616_bZIP_transcription_factor_bZIP-1
		#SolyC03g026370.1.1_Peptidoglycan-binding_Lysin_domain-containing_protein_(AHRD_V1_***_
SolyC03g026370.1.1	-	3.46E-08 _D7ML8_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR018392_Peptidoglycan-binding_lysin_domain
SolyC02g085660.1.1	-	#SolyC02g085660.1.1_UDP-glucosyltransferase_(AHRD_V1_***_B8Q132_9MAGN)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002213_UDP-glucuronyl/UDP-
SolyC10g074400.1.1	-	3.46E-08 glucosyltransferase
		#SolyC10g074400.1.1_Chitinase_(AHRD_V1_***_B9VRK7_CAPAN)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000726_Glycoside_hydrolase_family_19_catalytic
		#SolyC09g055470.1.1_Multiprotein_bridging_factor_1_(AHRD_V1_***_Q9LL86_SOLTU)_contains_Interpro_domain(s)_IPR013729_Multiprotein_bridging_factor_1_N-
SolyC09g055470.1.1	-	3.46E-08 terminal
SolyC01g058170.2.1	-	5.53E-07 #SolyC01g058170.2.1_Agenet_domain-containing_protein_(AHRD_V1_***_D7L519_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR008395_Agenet
SolyC03g028450.2.1	-	5.54E-07 #SolyC03g028450.2.1_Receptor_like_kinase_RLK
SolyC06g074470.2.1	-	5.54E-07 #SolyC06g074470.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
SolyC05g054380.1.1	-	7.79E-07 #SolyC05g054380.1.1_Major_allergen_Mal_d_1_(AHRD_V1_***_Q84LA7_MALDO)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000916_Bet_v_I_allergen
SolyC01g067020.2.1	-	1.38E-06 #SolyC01g067020.2.1_Receptor_like_kinase_RLK
SolyC05g008360.1.1	-	1.38E-06 #SolyC05g008360.1.1_Predicted_by_genscan_and_genefinder_(AHRD_V1_***_Q9ZU37_ARATH)
SolyC04g008170.1.1	-	2.35E-06 #SolyC04g008170.1.1_Nbs-Irr_resistance_protein
		#SolyC03g095900.2.1_1-aminoacylpropane_1-carboxylate_oxidase_like_protein_(AHRD_V1_***_
SolyC03g095900.2.1	-	2.4E-06 *_Q9LTH8_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR005123_Oxoglutarate_and_iron-dependent_oxygenase
		#SolyC01g100890.2.1_MTN21_nodulin_protein-like_(AHRD_V1_***_
SolyC01g100890.2.1	-	2.4E-06 _B6TB2_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000620_Protein_of_unknown_function_DUF6_transmembrane
SolyC10g045000.1.1	-	2.4E-06 #SolyC10g045000.1.1_PoI_polyprotein_(AHRD_V1_***_POL_MLVAV)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001584_Integrase_catalytic_core
SolyC03g038480.2.1	-	2.4E-06 #SolyC03g038480.2.1_Receptor-like_kinase_(AHRD_V1_***_O9L153_ORYSA)
SolyC05g051990.2.1	-	2.4E-06 #SolyC05g051990.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
SolyC05g039950.1.1	-	2.69E-06 #SolyC05g039950.1.1_Acylytransferase_(Fragment),(AHRD_V1_***_C1J7Z7_9SOLA)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003480_Transferase
SolyC07g043550.2.1	-	2.84E-06 #SolyC07g043550.2.1_UDP-glucose_4-epimerase_(AHRD_V1_***_A6LK35_THEME4)_contains_Interpro_domain(s)_IPR005886_UDP-glucose_4-epimerase
SolyC05g010770.2.1	-	3.63E-06 #SolyC05g010770.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
SolyC03g039790.2.1	-	3.83E-06 #SolyC03g039790.2.1_Acyl-ACP_thioesterase_(AHRD_V1_***_Q9FQY1_IRIGE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002864_Acyl-ACP_thioesterase
SolyC01g090720.2.1	-	4.57E-06 Unknown_Protein_(AHRD_V1)
SolyC05g006460.1.1	-	#SolyC05g006460.1.1_Pentatricopeptide_repeat-containing_protein_(AHRD_V1_***_
SolyC10g080910.1.1	-	5.38E-06 _D7M3D7_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002885_Pentatricopeptide_repeat
SolyC10g086270.1.1	-	6.67E-06 #SolyC10g080910.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
SolyC03g025900.2.1	-	8.7E-06 #SolyC10g086270.1.1_MyB_transcription_factor_(AHRD_V1_***_A9Y982_SOLTU)_contains_Interpro_domain(s)_IPR015495_MyB_transcription_factor
		#SolyC03g025900.2.1_Flap_structure-specific_endonuclease_(AHRD_V1_***_
SolyC03g025000.2.1	-	9.24E-06 #SolyC03g025000.2.1_ANTE4_COPCT7)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006084_DNA_repair_protein_(XPGC)/yeast_Rad
SolyC03g059140.2.1	-	9.57E-06 #SolyC03g059140.2.1_CASTOR_(AHRD_V1_***_D6cX5S_MEDTR)
SolyC10g079310.1.1	-	1.02E-05 #SolyC10g079310.1.1_tRNA-splicing_endonuclease_subunit_sen54_(AHRD_V1_***_B6JWH8_SCHJY)
SolyC08g067360.2.1	-	1.02E-05 #SolyC08g067360.2.1_WRKY_transcription_factor_9_(AHRD_V1_***_C9DHZ8_9ROS)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003657_DNA-binding_WRKY
SolyC01g045040.1.1	-	#SolyC01g045040.1.1_Glycosphosphoryl_dieste_phosphodiesterase_family_protein_(AHRD_V1_***_
SolyC03g025670.2.1	-	1.08E-05 _D7KYU8_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR017946_PLIC-like_phosphodiesterase_TIM_beta(alpha-barrel_domain
SolyC01g089960.2.1	-	1.09E-05 #SolyC03g025670.2.1_PAR-1c_protein_(AHRD_V1_***_O43589_TOBAC)_contains_Interpro_domain(s)_IPR009489_PAR1
SolyC03g039750.2.1	-	1.11E-05 #SolyC03g039750.2.1_CASTOR_(AHRD_V1_***_D6cX5S_MEDTR)
SolyC05g006040.2.1	-	1.13E-05 #SolyC05g006040.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
SolyC06g050370.1.1	-	1.33E-05 #SolyC06g050370.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
SolyC03g051630.1.1	-	1.33E-05 #SolyC03g051630.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
SolyC03g007820.2.1	-	1.44E-05 #SolyC03g007820.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
SolyC09g074910.1.1	-	1.77E-05 #SolyC09g074910.1.1_TspO_and_MBR_like_protein_(AHRD_V1_***_D2RRW7_HALTV)_contains_Interpro_domain(s)_IPR004307_TspO/MBR-related_protein
SolyC06g074050.1.1	-	1.77E-05 #SolyC06g074050.1.1_Harpin-induced_1_(AHRD_V1_***_Q2HSJ9_MEDTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR010847_Harpin-induced_1
SolyC08g074400.1.1	-	1.77E-05 #SolyC08g074400.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)_contains_Interpro_domain(s)_IPR009606_Protein_of_unknown_function_DUF1218
		#SolyC10g081640.1.1_Calcium_dependent_protein_kinase_2_(AHRD_V1_***_B9HN5_POPTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002290_Serine/threonine_protein_ki
SolyC10g081640.1.1	-	1.77E-05 nase
SolyC04g015540.1.1	-	1.77E-05 #SolyC04g015540.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
SolyC10g006170.2.1	-	1.78E-05 #SolyC10g006170.2.1_Cell_differentiation_protein_rcd1_(AHRD_V1_***_B6TRX0_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR007216_Cell_differentiation_Rcd1-like
SolyC07g063470.1.1	-	1.78E-05 #SolyC07g063470.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
		#SolyC03g025250.2.1_Mutding_resistance_protein_mdtk_(AHRD_V1_***_
SolyC03g025250.2.1	-	1.78E-05 _MDTK_YERP3)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002528_Multi_antimicrobial_extrusion_protein_MatE
SolyC08g081440.2.1	-	1.78E-05 #SolyC08g081440.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
SolyC03g014500.1.1	-	#SolyC03g014500.1.1_S-adenosyl-L-methionine_salicylic_acid_carboxyl_methyltransferase-
SolyC12g014500.1.1	-	1.78E-05 like_protein_(AHRD_V1_***_Q9FLN8_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR005299_SAM_dependent_carboxyl_methyltransferase
		#SolyC12g014500.1.1_Beta-13-galactosyl-O-glycosyl-glycoprotein_beta-16-N-acetylglucosaminyltransferase_(AHRD_V1_***_
SolyC12g013850.1.1	-	1.78E-05 _GCNT3_BHV4L)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003406_Glycosidase_transferase_family_14
SolyC06g084430.2.1	-	2.03E-05 #SolyC06g084430.2.1_Histone_H2A_(AHRD_V1_***_A5BCX3_VITVI)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002119_Histone_H2A
SolyC10g076740.1.1	-	#SolyC10g076740.1.1_Isoamyl_acetate-hydrolyzing_enzyme_(AHRD_V1_***_B6T5T9_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR013831_Esterase_SGNH_hydrolase-
SolyC03g060300.1.1	-	2.15E-05 type_subgroup
SolyC08g07072150.1.1	-	2.15E-05 #SolyC03g060300.1.1_Receptor_like_kinase_RLK
		#SolyC11g07072150.1.1_Nuclear_transcription_factor_Y_subunit_C-1_(AHRD_V1_***_
SolyC11g072150.1.1	-	2.37E-05 _B6SWV5_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003958_Transcription_factor_CBF/NF-Y/archaeal_histone
SolyC12g013570.1.1	-	2.55E-05 #SolyC12g013570.1.1_Cell_number_regulator_10_(AHRD_V1_***_D9HP26_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006461_Protein_of_unknown_function_Cys-rich
SolyC12g013570.1.1	-	2.55E-05 #SolyC12g013570.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
SolyC01g010320.1.1	-	2.55E-05 #SolyC01g010320.1.1_RING_zinc_finger_protein-like_(AHRD_V1_***_B6SSZ2_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001841_Zinc_finger_RING-type
SolyC01g057270.2.1	-	2.56E-05 #SolyC01g057270.2.1_Calmodulin-binding_transcription_activator_1_(AHRD_V1_***_Q0WQF9_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR005559_CG-1
SolyC11g0202560.1.1	-	#SolyC11g0202560.1.1_Directed_DNA_polymerase_(reverse_transcriptase)
SolyC12g008820.1.1	-	2.7E-05 #SolyC12g008820.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
SolyC02g081870.2.1	-	3.32E-05 #SolyC02g081870.2.1_ABC_transporter_G_family_member_31_(AHRD_V1_***_AB31G_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR013525_ABC-2_type_transporter
		#SolyC05g046020.2.1_CBL-interacting_protein_kinase_2_(AHRD_V1_***_
SolyC05g047600.2.1	-	3.32E-05 _AOMNJ9_POPTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002290_Serine/threonine_protein_kinase
SolyC04g071450.2.1	-	3.32E-05 #SolyC04g071450.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
		#SolyC11g071370.1.1_Pentatricopeptide_repeat-containing_protein_(AHRD_V1_***_
SolyC11g071370.1.1	-	3.32E-05 _D7L041_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002885_Pentatricopeptide_repeat
		#SolyC03g005810.2.1_Purine_permease_family_protein_(AHRD_V1_***_
SolyC03g005810.2.1	-	3.4E-05 *_D7MCV2_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR004853_Protein_of_unknown_function_DUF250
SolyC08g06080.1.1	-	3.6E-05 #SolyC08g06080.1.1_Exostosin_(AHRD_V1_***_Q9BSV5_XENLA)_contains_Interpro_domain(s)_IPR015338_EXTL2_alpha-14-N-acetylhexosaminyltransferase
SolyC11g069460.1.1	-	3.67E-05 #SolyC11g069460.1.1_DsRNA-binding_protein_2_(AHRD_V1_***_D7LHNO_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001159_Double-stranded_RNA_binding
SolyC03g0115870.2.1	-	3.84E-05 #SolyC03g0115870.2.1_Thioredoxin_2_(AHRD_V1_***_Q5ZF47_PLAMU)_contains_Interpro_domain(s)_IPR015467_Thioredoxin_core
SolyC07g061720.2.1	-	#SolyC07g061720.2.1_Gibberellin_2-oxidase_(AHRD_V1_***_A4GV8_L_SOLLCC)_contains_Interpro_domain(s)_IPR005123_Oxoglutarate_and_iron-
		#SolyC05g017940.2.1_Integral_membrane_protein_DUF6-containing_protein_expressed_(AHRD_V1_***_
SolyC05g017940.2.1	-	4.05E-05 _Q10E65_ORYSY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000620_Protein_of_unknown_function_DUF6_transmembrane
SolyC03g0117370.2.1	-	4.05E-05 #SolyC03g0117370.2.1_WD-40_repeat_protein_(AHRD_V1_***_B2J4D1_NOSPT)_contains_Interpro_domain(s)_IPR017986_WD40_repeat_region
		#SolyC07g008410.2.1_Multidrug_and_toxin_extrusion_protein_1_(AHRD_V1_***_
SolyC07g008410.2.1	-	4.05E-05 #SolyC07g008410.2.1_Ras-related_protein_Rab-25_(AHRD_V1_***_RAB25_BOVIN)_contains_Interpro_domain(s)_IPR015595_Rab11-related
SolyC01g067120.2.1	-	4.05E-05 #SolyC01g067120.2.1_Cullin_1-like_protein_C_(AHRD_V1_***_A0ELU7_PETIN)_contains_Interpro_domain(s)_IPR016159_Cullin_repeat-like
SolyC06g048700.1.1	-	4.05E-05 #SolyC06g048700.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
SolyC01g014300.1.1	-	4.05E-05 #SolyC01g014300.1.1_Zinc_finger_protein_1_(AHRD_V1_***_D7KX25_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR007087_Zinc_finger_C2H2-type
SolyC01g014300.1.1	-	4.26E-05 #SolyC01g014300.1.1_Auxin_response_factor_17_(Fragment_(AHRD_V1_***_D3K083_ARATH)

#Solyc02g091090.2.1_Mate_efflux_family_protein_(AHRD_V1_***-D7KCN6_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR015521__MATE_family_transporter_related_protein

Solyc08g078470.2.1 - 5.01E-05 #Solyc08g078470.2.1_FHA_domain-containing_protein_expressed_(AHRD_V1_***-_Q6ATJ5_ORYSJ)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000253__Forkhead-associated_5.01E-05 #Solyc03g111540.1.1_RLK_Receptor_like_protein_putative_resistance_protein_with_an_antifungal_domain

Solyc10g018120.1.1 - 5.01E-05 #Solyc10g018120.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)

Solyc07g052740.2.1 - 5.01E-05 #Solyc07g052740.2.1_Storekeeper_protein_(AHRD_V1_***_Q94IK2_SOLTU)

Solyc01g105200.2.1 - 5.01E-05 #Solyc01g105200.2.1_ZincIon_binding_protein_(AHRD_V1_***_B6SPK3_MAIZE)

Solyc02g090730.2.1 - 5.01E-05 #Solyc02g090730.2.1_Cell_number_regulator_1_(AHRD_V1_***-_B6T2Z45_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006461__Protein_of_unknown_function_Cys-rich_#Solyc01g108680.2.1_Hydrolase_alpha/beta_fold_protein_(AHRD_V1_***-

Solyc01g108680.2.1 - 5.01E-05 #D7LG04_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR00073__Alpha/beta_hydrolase_fold-1

Solyc07g054400.1.1 - 5.36E-05 #Solyc07g054400.1.1_Centromere_protein_S_(AHRD_V1_***_CENPS_HUMAN)_contains_Interpro_domain(s)_IPR009072__Histone-fold_#Solyc11g068470.1.1_Pentatricopeptide_repeat-containing_protein_(AHRD_V1_***-

Solyc11g068470.1.1 - 6.83E-05 #D7M4W3_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR02885__Pentatricopeptide_repeat

Solyc10g074960.1.1 - 6.83E-05 #Solyc10g074960.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)

Solyc05g025870.2.1 - 6.92E-05 #Solyc05g025870.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)

Solyc09g048980.2.1 - 6.92E-05 #Solyc09g048980.2.1_Photorotrophic-responsive_NPH3_family_protein_(AHRD_V1_***_D7MMM6_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR004249__NPH3

Solyc09g09480.1.1 - 6.92E-05 #Solyc09g09480.1.1_S-locus_F-box-like_protein_b_(AHRD_V1_***_-B0F0G1_PETIN)

#Solyc10g076370.1.1_Ethylene-responsive_transcription_factor_13_(AHRD_V1_***_-ERF99_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001471__Pathogenesis-7.36E-05 related_transcriptional_factor_and_ERF_DNA-binding

Solyc11g056420.1.1 - 8.78E-05 #Solyc11g056420.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)

Solyc02g098970.2.1 - 9.73E-05 #Solyc02g098970.2.1_Dihydroflavonol-4-reductase_(AHRD_V1_***-_B6TK03_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR016040__NAD(P)-binding_domain

Solyc04g074790.1.1 - 0.000114 #Solyc04g074790.1.1_RING_finger_protein_(AHRD_V1_***_-C6EUD3_SOYBN)_contains_Interpro_domain(s)_IPR018957__Zinc_finger_C3HC4_RING-type

Solyc06g005330.2.1 - 0.000114 #Solyc06g005330.2.1_MYB_transcription_factor_(AHRD_V1_***_Q56UT4_ORYSJ)_contains_Interpro_domain(s)_IPR015495__Myb_transcription_factor_#Solyc02g072120.2.1_ER_lumen_protein_retaining_receptor_(AHRD_V1_***-

Solyc02g072120.2.1 - 0.000114 #D7PF44_NICBE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000133__ER_lumen_protein_retaining_receptor

Solyc12g005500.1.1 - 0.000122 #Solyc12g005500.1.1_Prohibitin_(AHRD_V1_***_Q9M586_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000163__Prohibitin

Solyc04g025520.1.1 - 0.000122 #Solyc04g025520.1.1_Copia-type_protein_(AHRD_V1_***_-C0JJ21_SOYBN)

Solyc03g044600.1.1 - 0.000122 #Solyc03g044600.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)

Solyc05g050540.2.1 - 0.000122 #Solyc05g050540.2.1_Laccase_1a_(AHRD_V1_***_-B9IG56_POPTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR017761__Laccase_#Solyc10g076900.1.1_Calcium_dependent_protein_kinase_2_(AHRD_V1_***-

Solyc10g068520.1.1 - 0.000122_B9H9N6_POPTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002290__Serine/threonine_protein_kinase

Solyc01g068520.1.1 - 0.000122 #Solyc01g068520.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)

Solyc11g038340.1.1 - 0.000142 #Solyc11g038340.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)

Solyc02g062040.2.1 - 0.000145 #Solyc02g062040.2.1_RING_finger-like_(AHRD_V1_***_-Q5Z6V1_ORYSJ)_contains_Interpro_domain(s)_IPR018957__Zinc_finger_C3HC4_RING-type

Solyc03g046200.1.1 - 0.000145 #Solyc03g046200.1.1_Endo-1,3-beta-glucanase_(AHRD_V1_***_-CSFLR9_NANOT)_contains_Interpro_domain(s)_IPR005200__Glycoside_hydrolase_family_81

Solyc03g066800.1.1 - 0.000145 #Solyc03g066800.1.1_TCP_family_transcription_factor_(AHRD_V1_***_-A6MCZ2_9ORYZ)_contains_Interpro_domain(s)_IPR005333__Transcription_factor_TCP

Solyc05g046120.2.1 - 0.000145 #Solyc05g046120.2.1_Formin_3_(AHRD_V1_***_-DQQAN4_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR015425__Actin-binding_FH2

Solyc10g084520.1.1 - 0.000145 #Solyc10g084520.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)

#Solyc01g080840.2.1_Endonuclease/exonuclease/phosphatase_(AHRD_V1_***-

Solyc01g080480.2.1 - 0.000145 #D7LOT9_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR005135__Endonuclease/exonuclease/phosphatase

Solyc02g086210.2.1 - 0.000149 #Solyc02g086210.2.1_Receptor-like_protein_kinase_(AHRD_V1_***-_D3G6F0_CAPAN)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002290__Serine/threonine_protein_kinase_#Solyc12g096820.1.1_UDP-glucosyltransferase_family_1_protein_(AHRD_V1_***_-C6KI44_CITSI)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002213__UDP-glucuronosyl/UDP-glucosyltransferase

Solyc12g096820.1.1 - 0.000152 UDP-glucosyltransferase

Solyc11g007860.1.1 - 0.000169 #Solyc11g007860.1.1_Self-pruning_interacting_protein_1_(AHRD_V1_***_Q9FR57_SOLLC)

Solyc03g059150.2.1 - 0.000171 #Solyc03g059150.2.1_DM11_protein_(Fragment)_#(AHRD_V1_***_-A9DN79_MEDTR)

Solyc01g090660.2.1 - 0.000171 #Solyc01g090660.2.1_Carotenoid_cleavage_dioxygenase_7

Solyc04g079800.2.1 - 0.000171 #Solyc04g079800.2.1_F-box/FBD/LRR-repeat_protein_At1g13570_(AHRD_V1_***_-FDL1_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR013596__FBD

Solyc10g08620.2.1 - 0.000185 #Solyc10g08620.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)

Solyc01g104890.2.1 - 0.000185 #Solyc01g104890.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)

Solyc02g064710.2.1 - 0.000185 #Solyc02g064710.2.1_AT2G14850_protein_(Fragment)_#(AHRD_V1_***_-B9DHZ5_ARATH)

#Solyc12g096820.1.1_Ethylene-responsive_transcription_factor_4_(AHRD_V1_***_-ERF78_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001471__Pathogenesis-0.000188 related_transcriptional_factor_and_ERF_DNA-binding

Solyc10g009380.2.1 - 0.000191 #Solyc10g009380.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)

Solyc08g074890.2.1 - 0.000199 #Solyc08g074890.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)

#Solyc06g011570.2.1_Halopacid_dehalogenase-like_hydrolase_(AHRD_V1_***-

Solyc12g005450.1.1 - 0.000202_Q5JNL2_ORYSJ)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002036__Uncharacterised_protein_family_UPF0054

Solyc12g096350.1.1 - 0.000202 #Solyc12g096350.1.1_Receptor_like_protein_kinase_At3g21340_(AHRD_V1_***-

Solyc04g090210.1.1 - 0.000202 #RLK6_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002290__Serine/threonine_protein_kinase

Solyc04g090210.1.1 - 0.000202 #Solyc12g096350.1.1_WRKY_transcription_factor_11_(AHRD_V1_***_-D7MB53_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003657__DNA-binding_WRKY

#Solyc04g090210.1.1_Pentatricopeptide_repeat-containing_protein_(AHRD_V1_***-

Solyc00202 #D7LZ2R_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002885__Pentatricopeptide_repeat

Solyc03g120170.1.1 - 0.000202 #Solyc03g120170.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)

Solyc05g007010.1.1 - 0.000202 #Solyc05g007010.1.1_Glyoxal_oxidase_(AHRD_V1_***_-B6TJK4_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR009880__Glyoxal_oxidase_N-terminal

Solyc03g097960.1.1 - 0.000204 #Solyc03g097960.1.1_CHP-rich_zinc_finger_protein_(AHRD_V1_***_-Q8H5Y9_ORYSJ)_contains_Interpro_domain(s)_IPR011424__C1-like

Solyc08g067650.1.1 - 0.000204 #Solyc08g067650.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)

#Solyc09g082790.2.1_DNA_repair_and_recombination_protein_RAD51_(AHRD_V1_***-

Solyc09g082790.2.1 - 0.000211 #A9CT11_ENTBH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR011940__Meiotic_recombinase_Dmc1

#Solyc01g117450.2.1_Short_intermediate_related_sequence_5_(AHRD_V1_***-

Solyc00238 #D2K76_BRARP)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006510__Zinc_finger_Lateral_Root_Primordium_type_1

Solyc03g097660.2.1 - 0.000238 #Solyc03g097660.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)

#Solyc12g005960.1.1_Ethylene-responsive_transcription_factor_4_(AHRD_V1_***_-B6THY5_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001471__Pathogenesis-0.000269 related_transcriptional_factor_and_ERF_DNA-binding

Solyc07g052790.1.1 - 0.000278 #Solyc07g052790.1.1_Nbs-Irr_resistance_protein

Solyc01g105620.2.1 - 0.000281 #Solyc01g105620.2.1_RING_finger_protein_(AHRD_V1_***_-C6EUD3_SOYBN)_contains_Interpro_domain(s)_IPR018957__Zinc_finger_C3HC4_RING-type

Solyc08g067340.2.1 - 0.000288 #Solyc08g067340.2.1_WRKY_transcription_factor_(AHRD_V1_***_-B1Q4U8_9ROS1)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003657__DNA-binding_WRKY

Solyc05g010690.1.1 - 0.000291 #Solyc05g010690.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)

Solyc12g015800.1.1 - 0.000297 #Solyc12g015800.1.1_RING_finger_protein_(AHRD_V1_***_-D6RU92_SILLA)_contains_Interpro_domain(s)_IPR018957__Zinc_finger_C3HC4_RING-type

Solyc01g097570.2.1 - 0.000297 #Solyc01g097570.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)

Solyc03g062860.1.1 - 0.000297 #Solyc03g062860.1.1_Transposon_Ty1-BL_Gag-Pol_polyprotein_(AHRD_V1_***_-YB11B YEAST)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001584__Integrase_catalytic_core

Solyc02g038690.1.1 - 0.000304 #Solyc02g038690.1.1_Histone_H2B_(AHRD_V1_***_-A2IBL2_NICBE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000558__Histone_H2B

Solyc03g096770.1.1 - 0.000304 #Solyc03g096770.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)

#Solyc07g008030.1.1_Glycosyl_transferase_family_17_protein_(AHRD_V1_***-

Solyc07g008030.1.1 - 0.000304 #D7L020_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006813__Glycosyl_transferase_family_17

#Solyc10g085190.1.1_Anthocyanidin_synthase_(AHRD_V1_***_-Q2EB7_MALDO)_contains_Interpro_domain(s)_IPR005123__Oxoglutarate_and_iron-dependent_oxygenase

Solyc02g070040.1.1 - 0.000316 #Solyc02g070040.1.1_Ethylene-responsive_nuclear_protein_(AHRD_V1_***_-Q3MV1_SOLLC)

Solyc12g017700.1.1 - 0.000316 #Solyc12g017700.1.1_ATP-dependent_RNA_helicase_(AHRD_V1_***_-Q16S17_AEADAE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR014001__DEAD-like_helicase_N-terminal

#Solyc02g072010.1.1_Pentatricopeptide_repeat-containing_protein_(AHRD_V1_***-

Solyc02g072010.1.1 - 0.000316 #D7M9E6_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002885__Pentatricopeptide_repeat

Solyc10g080290.1.1 - 0.000316 #Solyc10g080290.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)

Solyc10g081080.1.1 - 0.000352 #Solyc10g081080.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)

Solyc08g008140.2.1 - 0.000374 #Solyc08g008140.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)

#Solyc06g054480.2.1_Serine/threonine_protein_kinase-

Solyc06g054480.2.1 - 0.000374 like_(AHRD_V1_***_-Q9FCG3_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002290__Serine/threonine_protein_kinase

Solyc03g120890.2.1 - 0.000374 #Solyc03g120890.2.1_GATA_transcription_factor_9_(AHRD_V1_***_-B6STZ1_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR016679__Transcription_factor_GATA_plant

Solyc02g065430.1.1 - 0.000374 #Solyc02g065430.1.1_TM_Resistance-related_protein_(AHRD_V1_***_-B6UG28_MAIZE)

#Solyc11g018720.1.1_Intracellular_protein_(AHRD_V1_***-

Solyc11g018720.1.1 - 0.000374 #B9H9N6_POPTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001708__Membrane_insertion_protein_OxaA/YidC

Solyc04g050180.2.1 - 0.000374 #Solyc04g050180.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)

#Solyc06g069240.1.1_Teosinte-branched-like_protein_(Fragment)_#(AHRD_V1_***-

Solyc06g069240.1.1 - 0.000374 #Q5FNNU_POPTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR005333__Transcription_factor_TCP

Solyc04g016490.2.1 - 0.000414 #Solyc04g016490.2.1_Icc_family_phosphohydrolase_(AHRD_V1_***_-C6IM14_9BACE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR011230__Phosphoesterase_At2g46880

Solyc01g096980.1.1 - 0.000422 #Solyc01g096980.1.1_Restricted_tev_movement_2_(AHRD_V1_***_-D5K219_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR008978__HSP20-like_chaperone

#Solyc12g009430.1.1_Methyltransferase_FkbM_family_protein_expressed_(AHRD_V1_***-

Solyc12g009430.1.1 - 0.000439 #Q1028_ORYSJ)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006342__Methyltransferase_FkbM

Solyc02g032360.2.1 - 0.000453 #Solyc02g032360.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)

Solyc04g025560.2.1 - 0.000468 #Solyc04g025560.2.1_ADPRibosylation_factor_(AHRD_V1_***_-D7KLG4_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006688__ADP-ribosylation_factor

Solyc03g078620.1.1 - 0.000468 #Solyc03g078620.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)

#Solyc03g093550.1.1_Ethylene_responsive_transcription_factor_1a_(AHRD_V1_***_-C0J919_9ROSA)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001471__Pathogenesis-0.000505 related_transcriptional_factor_and_ERF_DNA-binding

SolyC01g079920.2.1 - 0.000505 #SolyC01g079920.2.1_Xylanase_inhibitor_(Fragment)_(_AHRD_V1_***_Q53IQ4_WHEAT)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001461_Peptidase_A1
 SolyC04g079780.2.1 - 0.000505 #SolyC04g079780.2.1_Ariadne-like_ubiquitin_ligase_(AHRD_V1_***_D3AZ84_POLPA)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002867_Zinc_finger_C6HC-type
 #SolyC01g100540.2.1_PAPA-1-like_conserved_region_family_protein_expressed_(AHRD_V1_***_Q2QNL8_ORYSJ)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006880_PAPA-1.
 SolyC01g100540.2.1 - 0.000555 like_conserved_region
 #SolyC02g091080.1.1_Multidrug_resistance_protein_mdtK_(AHRD_V1_***-
 SolyC02g091080.1.1 - 0.000654 _MDTK_SHIF8)_contains_Interpro_domain(s)_IPR015521_MATE_family_transporter_related_protein
 SolyC09g060050.1.1 - 0.000661 #SolyC09g060050.1.1_Helicase-like_protein_(AHRD_V1_***_Q9AYF0_ORYSJ)
 SolyC12g099630.1.1 - 0.000663 #SolyC12g099630.1.1_Mitochondrial_carrier_protein-like_(AHRD_V1_***_B9GYX5_POPTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002067_Mitochondrial_carrier_protein
 #SolyC02g069050.1.1_Genomic_DNA_chromosome_5_P1_clone_MFC19_(AHRD_V1_***-
 SolyC02g069050.1.1 - 0.000725 _Q9FHII_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR007658_Protein_of_unknown_function_DUF594
 SolyC02g092570.1.1 - 0.000761 #SolyC02g092570.1.1_GRAS_family_transcription_factor_(AHRD_V1_***_B6TXW9_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR005202_GRAS_transcription_factor
 SolyC02g092570.1.1 - 0.000769 #SolyC02g092570.1.1_Calmodulin-like_protein_(AHRD_V1_***_B6TXW9_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR011992_EF-Hand_type
 SolyC02g091350.2.1 - 0.000782 #SolyC02g091350.2.1_Glucosyltransferase-2_(AHRD_V1_***_Q8S9A7_PHAAN)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002213_UDP-glucuronosyl/UDP-glucosyltransferase
 SolyC10g044510.1.1 - 0.000798 #SolyC10g044510.1.1_MLO-like_protein_4_(AHRD_V1_***_B67TXU3_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR004326_Mlo-related_protein
 SolyC03g082670.2.1 - 0.000803 #SolyC03g082670.2.1_F-box_family_protein-like_(AHRD_V1_***_Q5Z9H2_ORYSJ)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001810_Cyclin-like_F-box
 SolyC09g05040.1.1 - 0.000805 #SolyC09g05040.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
 SolyC03g051650.1.1 - 0.000805 #SolyC03g051650.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
 SolyC08g076520.2.1 - 0.000805 #SolyC08g076520.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
 SolyC01g067860.2.1 - 0.000851 #SolyC01g067860.2.1_Peroxidase_24_(AHRD_V1_***_B6SRH9_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002016_Haem_peroxidase_plant/fungal/bacterial
 SolyC04g072920.2.1 - 0.000926 #SolyC04g072920.2.1_Trehalose-6-phosphate_phosphatase_(AHRD_V1_***_D7KV74_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003337_Trehalose-phosphatase
 SolyC09g008530.1.1 - 0.000927 #SolyC09g008530.1.1_RRP1_(AHRD_V1_***_B3RH41_MEDTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR009053_Prefoldin
 SolyC06g073850.1.1 - 0.000964 #SolyC06g073850.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
 #SolyC01g073670.2.1_Uncaracterized_MFS-type_transporter_C19orf28_(AHRD_V1_***-
 SolyC01g073670.2.1 - 0.000992 _CS028_HUMAN)_contains_Interpro_domain(s)_IPR016196_Major_facilitator_superfamily_general_substrate_transporter
 SolyC12g027600.1.1 - 0.000999 #SolyC12g027600.1.1_Nuclear_transport_receptor_exportin_4_(Importin_beta_superfamily)(ISS)_(_Fragment)_(_AHRD_V1_***_Q00UW3_OSTTA)
 #SolyC01g006840.2.1_Calcium_dependent_protein_kinase_26_(AHRD_V1_***_B9H9M4_POPTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002290_Serine/threonine_protein
 SolyC01g006840.2.1 - 0.001054 kinase
 SolyC04g064440.1.1 - 0.001069 #SolyC04g064440.1.1_F-box_family_protein_(AHRD_V1_***_B9N8U5_POPTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR013187_F-box_associated_type_3
 #SolyC04g039800.1.1_NAD(P)H-quinone_oxidoreductase_subunit_2_chloroplastic_(AHRD_V1_***-
 SolyC04g039800.1.1 - 0.001121 _D2KLR3_OLEEU)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001750_NADH:ubiquinone/plastoquinone_oxidoreductase
 SolyC05g047560.1.1 - 0.001145 #SolyC05g047560.1.1_Glycosyl_transferase_group_1_(AHRD_V1_***_Q3SM08_THIDA)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001296_Glycosyl_transferase_group_1
 SolyC12g009510.1.1 - 0.001149 #SolyC12g009510.1.1_LRR_receptor-like_serine/threonine-protein_kinase_RLP
 #SolyC10g053910.1.1_B-cell_receptor-associated_protein_31-likeContaining_protein_(AHRD_V1_***_B6TG43_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR008417_B-
 SolyC01g053910.1.1 - 0.001172 cell_receptor-associated_31-like
 SolyC09g053930.2.1 - 0.001118 #SolyC09g053930.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
 #SolyC05g051920.2.1_Major_facilitator_superfamily_transporter_(AHRD_V1_***-
 SolyC05g051920.2.1 - 0.001185 _Q2NDT2_ERYLH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR016196_Major_facilitator_superfamily_general_substrate_transporter
 SolyC01g103600.2.1 - 0.001238 #SolyC01g103600.2.1_TIF3A_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR010399_Tify
 SolyC07g074950.1.1 - 0.001371 #SolyC07g074950.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006747_Protein_of_unknown_function_DUF599
 #SolyC01g057260.2.1 - 0.001515 _QDDB9J_ORYSJ)_contains_Interpro_domain(s)_IPR004158_Protein_of_unknown_function_DUF247_plant
 SolyC09g075920.1.1 - 0.001582 #SolyC09g075920.1.1_Receptor-like_protein_kinase_(AHRD_V1_***_Q39202_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002290_Serine/threonine_protein_kinase
 SolyC09g060100.2.1 - 0.001601 #SolyC09g060100.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
 SolyC06g074880.1.1 - 0.001601 #SolyC06g074880.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006909_Rad21/Rec8_like_protein_C-terminal
 SolyC07g055870.2.1 - 0.001601 #SolyC07g055870.2.1_Kinase_family_protein_(AHRD_V1_***_D7KBF8_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR016253_Integrin-linked_protein_kinase
 SolyC08g062490.2.1 - 0.001642 #SolyC08g062490.2.1_WRKY_transcription_factor_16_(AHRD_V1_***_C9D105_9ROSI)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003657_DNA-binding_WRKY
 SolyC09g059260.2.1 - 0.001642 #SolyC09g059260.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
 SolyC06g072870.1.1 - 0.001642 #SolyC06g072870.1.1_Glycosyltransferase_(AHRD_V1_***_Q589Y3_TOBAC)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002213_UDP-glucuronosyl/UDP-glucosyltransferase
 SolyC12g097060.1.1 - 0.001642 #SolyC12g097060.1.1_Genomic_DNA_chromosome_3_BAC_clone_F14O13_(AHRD_V1_***_Q9LR5_ARATH)
 #SolyC06g034340.1.1_NAC_domain_protein_IPR003441_(AHRD_V1_***-
 SolyC06g034340.1.1 - 0.001739 _B9IC88_POPTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003441_No_apical_meristem_(NAM)_protein
 #SolyC07g062120.2.1_RAG1-activating_protein_1_homolog_(AHRD_V1_***_R1AP1_DROPS)_contains_Interpro_domain(s)_IPR018179_RAG1-
 SolyC07g062120.2.1 - 0.001749 activating_protein_1_homologue
 SolyC03g114710.2.1 - 0.001772 #SolyC03g114710.2.1_Glycosyltransferase_(AHRD_V1_***_B5MGN9_PHYAM)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002213_UDP-glucuronosyl/UDP-glucosyltransferase
 SolyC09g007470.1.1 - 0.001772 #SolyC09g007470.1.1_Arabidopsis_thaliana_genomic_DNA_chromosome_5_P1_clone_MOK16_(AHRD_V1_***_Q9LYX4_ARATH)
 SolyC12g035620.1.1 - 0.001772 #SolyC12g035620.1.1_DNA_binding_protein_(AHRD_V1_***_D7KNA7_ARALY)
 SolyC12g088690.1.1 - 0.001772 #SolyC12g088690.1.1_Glycosyltransferase_(AHRD_V1_***_D7URL8_9LAMI)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002213_UDP-glucuronosyl/UDP-glucosyltransferase
 SolyC07g053570.2.1 - 0.001813 #SolyC07g053570.2.1_Zinc_finger_family_protein_(AHRD_V1_***_D7MN23_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR007087_Zinc_finger_C2H2-type
 SolyC08g082160.2.1 - 0.001892 #SolyC08g082160.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
 SolyC04g057950.1.1 - 0.001917 #SolyC04g057950.1.1_F-box_family_protein_(AHRD_V1_***_B9GFH4_POPTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR013101_Leucine-rich_repeat_2
 SolyC12g062200.1.1 - 0.001937 #SolyC12g062200.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
 #SolyC02g005280.1.1_Pentatricopeptide_repeat-containing_protein_(AHRD_V1_***-
 SolyC02g005280.1.1 - 0.001973 _D7KHY5_ARALY)_contains_Interpro_domain(s)_IPR002885_Pentatricopeptide_repeat
 #SolyC00g283010.1.1_Multidrug_resistance_protein_ABC_transporter_family_(AHRD_V1_***-
 SolyC00g283010.1.1 - 0.002017 _B9GX56_POPTR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003439_ABC_transporter-like
 SolyC08g065800.1.1 - 0.0020382 #SolyC08g065800.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
 SolyC06g010240.1.1 - 0.0020387 #SolyC06g010240.1.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
 SolyC10g047040.1.1 - 0.002546 #SolyC10g047040.1.1_Zinc_finger_protein_zf1_(AHRD_V1_***_ZFS1_SCHPO)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000571_Zinc_finger_CCCH-type
 SolyC02g092240.2.1 - 0.002546 #SolyC02g092240.2.1_Os10g0352000_protein_(Fragment)_(_AHRD_V1_***_Q01V85_ORYSJ)
 SolyC07g021710.2.1 - 0.002546 #SolyC07g021710.2.1_Phosphatase_(AHRD_V1_***_D2V497_NAEGR)_contains_Interpro_domain(s)_IPR006384_Pyridoxal_phosphate_phosphatase-related
 #SolyC06g083020.1.1_Serine_carboxypeptidase_1_(AHRD_V1_***-
 SolyC06g083020.1.1 - 0.002759 _B6TDA5_MAIZE)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001563_Peptidase_S10_serine_carboxypeptidase
 SolyC01g008400.2.1 - 0.002853 #SolyC01g008400.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
 #SolyC12g062590.1.1_Photosystem_I_P700_chlorophyll_a_apoprotein_A2_(AHRD_V1_***-
 SolyC12g062590.1.1 - 0.003268 _D3WB98_9BORa)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001280_Photosystem_I_psA_and_psB
 SolyC12g027750.1.1 - 0.00348 #SolyC12g027750.1.1_Arginine/serine-rich_coiled_coil_protein_1_(AHRD_V1_***_B6TT29_MAIZE)
 #SolyC03g122050.1.1_Uncharacterized_ABC_transporter_ATP-binding_protein/permease_C9B6.0c_(AHRD_V1_***-
 SolyC03g122050.1.1 - 0.004081 _YNT9_SCHPO)_contains_Interpro_domain(s)_IPR001140_ABC_transporter_transmembrane_region
 SolyC05g050840.2.1 - 0.004154 #SolyC05g050840.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
 SolyC06g034080.2.1 - 0.004262 #SolyC06g034080.2.1_Unknown_Protein_(AHRD_V1)
 #SolyC08g075510.2.1_JmjC_domain_protein_(AHRD_V1_***_Q1D441_MYXXD)_contains_Interpro_domain(s)_IPR003347_Transcription_factor_jumonji/aspartyl_beta-
 SolyC08g075510.2.1 - 0.00451 hydrolase
 SolyC11g068710.1.1 - 0.004725 #SolyC11g068710.1.1_F-box_family_protein_(AHRD_V1_***_B9MYU0_POPTR)
 #SolyC03g118900.1.1_Nodulin-like_protein_(AHRD_V1_***-
 SolyC03g118900.1.1 - 0.00481 _Q9LV20_ARATH)_contains_Interpro_domain(s)_IPR000620_Protein_of_unknown_function_DUF6_transmembrane