

LUCAS ARAÚJO CASTRO E SILVA

**ANÁLISE DA FAMÍLIA DAS PROTEÍNAS PAM2-LIKE EM SOJA:
DIVERGÊNCIA FUNCIONAL DA SUBFAMÍLIA DAS ERD15-LIKE**

Dissertação apresentada à
Universidade Federal de Viçosa, como
parte das exigências do programa de
Pós-Graduação em Bioquímica
Agrícola, para obtenção do título de
Magister Scientiae.

VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2014

**Ficha catalográfica preparada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Câmpus Viçosa**

T

S586a
2014
Silva, Lucas Araújo Castro e, 1989-
Análise da família das proteínas PAM2-like em soja :
divergência funcional da subfamília das ERD15-Like / Lucas
Araújo Castro e Silva. – Viçosa, MG, 2014.
vi, 65f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Inclui anexos.

Orientador: Elizabeth Pacheco Batista Fontes.

Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.

Referências bibliográficas: f.55-65.

1. Proteínas - Análises. 2. Soja. 3. Arroz. 4. ERD15.
5. PAM2. 6. Plantas - Estresse hídrico. I. Universidade Federal
de Viçosa. Departamento de Bioquímica e Biologia Molecular.
Programa de Pós-graduação em Bioquímica Agrícola. II. Título.

CDD 22. ed. 613.282

LUCAS ARAÚJO CASTRO E SILVA

**ANÁLISE DA FAMÍLIA DAS PROTEÍNAS PAM2-LIKE EM SOJA:
DIVERGÊNCIA FUNCIONAL DA SUBFAMÍLIA DAS ERD15-LIKE**

Dissertação apresentada à
Universidade Federal de Viçosa, como
parte das exigências do programa de
Pós-Graduação em Bioquímica
Agrícola, para obtenção do título de
Magister Scientiae.

APROVADA: 28 de fevereiro de 2014.

Welison Andrade Pereira
(Co-orientador)

Michihito Deguchi

Elizabeth Pacheco Batista Fontes
(Orientadora)

Resumo

SILVA, Lucas Araújo Castro e, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, fevereiro de 2014. **Análise da família das proteínas PAM2-like em soja: divergência funcional da subfamília das ERD15-like.** Orientadora: Elizabeth Pacheco Batista Fontes. Co-orientadores: Welison Andrade Pereira e Rosangela Bevitori.

O motivo PAM2 está largamente distribuído em proteínas eucarióticas e foi inicialmente identificado como um sítio de ligação a proteínas que se ligam à cauda poli (A) (PABP), que participam do metabolismo de RNA. Apesar da relevância do motivo PAM2, uma análise abrangente de sua ocorrência em proteínas do reino vegetal ainda não foi conduzida. Nesta investigação, a família das proteínas PAM2-like foi caracterizada filogeneticamente em *Arabidopsis*, soja e arroz. Um total de 19 sequências PAM2-like foi identificado no genoma de *Arabidopsis*, enquanto que em soja foram encontrados 31 membros e em arroz 22 membros da família. A família PAM2-like foi subdividida em 7 subfamílias (A-G) baseado na conservação de sequências e na estrutura de motivos característicos. Entre elas, a subfamília ERD15-like, cujo nome foi derivado da proteína ERD15 (Early Responsive to Dehydration 15) de *Arabidopsis*, identificada originalmente por sua rápida indução em resposta à desidratação, foi caracterizada extensivamente, em relação à sua filogenia, responsividade à seca e função celular. Foi observado em dados de micro arranjo de plantas estressadas que os dois membros da subfamília ERD15-like de *Arabidopsis*, AtERD15 (AT2G41430) e AtERL15 (AT4G14270), são responsivos à seca. O perfil de resposta ao estresse causado pela seca de 4 dos 6 membros da subfamília de soja também foi avaliado, sendo que o par Glyma14g05980 e Glyma02g42860 é continuamente induzido com a progressão do estresse, ao passo que o par Glyma11g20940 e Glyma04g28560 é inicialmente induzido, mas tem seu nível de expressão reduzido no estresse mais severo, indicando uma possível divergência funcional na subfamília ERD15-like. A superexpressão e supressão do gene AtERD15 foram avaliadas quanto à sensibilidade à ABA e tolerância à seca. Foi observada uma correlação entre o nível de expressão de AtERD15 (AT2G41430) e a capacidade de germinação de sementes na presença do fito hormônio ABA. Contrariamente, uma correlação negativa foi observada entre o

nível de transcrito de AtERD15 e o crescimento de raiz em plantas estressadas por PEG, assim como a tolerância a estresse causado pela seca. Os homólogos da soja, GmERD15-like (Glyma02g42860), e de arroz, OsERD15-like (Os07g46670) complementaram parcialmente o fenótipo de suscetibilidade à ABA durante a germinação apresentado por AtERD15, mas ao contrário de AtERD15, promoveram um aumento da tolerância à seca em plantas estressadas. Coletivamente, estes resultados implicam que os membros da família ERD15 divergem funcionalmente. As proteínas AtERD15, GmERD15-like e OsERD15-like são localizadas no citoplasma em condições normais. Entretanto, em resposta a estresse osmótico o perfil de localização das proteínas é modificado, sendo concentradas ao redor do núcleo. A proteína OsERD15-like (Os07g46670) foi translocada para o núcleo em condições de estresse osmótico. Em expressão transiente em folhas de tabaco, todas três proteínas exibiram o mesmo padrão de localização, estando presentes tanto no citoplasma, como no núcleo, com exclusão do nucléolo. Por fim, foi demonstrado que a proteína GmERD15-like (Glyma02g42860) tem a capacidade de ligação aos promotores dos genes CDC2 (Glyma06g17460) e F-Box (Glyma13g43730) e que sua superexpressão de GmERD15-like em protoplastos de soja levou a indução da expressão de ambos, além do gene DNAJ (Glyma14g31810). Tanto CDC2, como DNAJ e F-Box são induzidos por seca. Estes resultados indicam que GmERD15-like controla um conjunto seletivo de genes induzidos por estresse hídrico.

Abstract

SILVA, Lucas Araújo Castro e, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, February 2014. **Analysis of the PAM2-like protein family in soybean: functional divergence in the ERD15-like subfamily.** Advisor: Elizabeth Pacheco Batista Fontes. Co-advisors: Welison Andrade Pereira and Rosangela Bevitori.

The PAM2 motif is largely distributed in eukaryotic proteins and was initially identified as a binding site for poly (A) binding proteins (PABP), which play a role in RNA metabolism. Despite the PAM2 motif relevance, a comprehensive analysis of its occurrence in proteins of the plant kingdom is still absent. In the present study, the PAM2-like protein family was phylogenetically characterized in *Arabidopsis*, soybean and rice. Totally, 19 PAM2-like sequences were identified in the *Arabidopsis* genome, while 31 members of the family were found in soybean and 22 members in rice. The PAM2-like family was subdivided in 7 subfamilies (A-G) based on the conservation of the sequences and in the structure of the motifs. Among them, the ERD15-like subfamily, whose name derives from the ERD15 (Early Responsive to Dehydration 15) *Arabidopsis* protein, originally identified by its rapid induction in response to dehydration, was characterized extensively, concerning its phylogeny, dehydration responsiveness and cellular function. Microarray data from stressed plants shows that both members of the ERD15-like subfamily in *Arabidopsis*, AtERD15 (AT2G41430) e AtERL15 (AT4G14270), are responsive to drought. The drought response profile of 4 of the 6 soybean ERD15-like subfamily members was also investigated. It was observed that the pair Glyma14g05980 and Glyma02g42860 is continuously induced as the stress progress, whereas the pair Glyma11g20940 and Glyma04g28560 is initially induced, but has a reduction on its expression level when the stress becomes more severe, indicating a possible functional divergence in the ERD15-like subfamily. The superexpression and the suppression of the AtERD15 gene were evaluated regarding to sensibility to ABA and tolerance to drought. A correlation between AtERD15 (AT2G41430) expression level and the germination rate of seeds in the presence of the phytohormone ABA was observed. Opposingly, a negative correlation was observed for the level of

AtERD15 transcript and the root growth in plants stressed by PEG, as well as for the drought stress tolerance. The soybean, GmERD15-like (Glyma02g42860), and rice, OsERD15-like (Os07g46670), homologs shown partial phenotype complementation for ABA susceptibility during germination, as presented by AtERD15, but, on the contrary, promoted increased drought tolerance on stressed plants. Collectively, these results imply that the members of the ERD15-like family diverge in function. Under normal conditions, the proteins AtERD15, GmERD15-like and OsERD15-like are localized in the cytoplasm. Nonetheless, under osmotic stress, the subcellular localization profile of these proteins is modified, as they increase their concentration around the nucleus. The OsERD15-like protein (Os07g46670) was translocated to the nucleus under osmotic stress conditions. Under transient expression in tobacco leaves, the three proteins exhibited the same localization pattern, being present in the cytoplasm as well as in the nucleus, except in the nucleolus. Finally, it was demonstrated that the protein GmERD15-like (Glyma02g42860) is capable of binding to the promoters of the genes CDC2 (Glyma06g17640) and F-Box (Glyma13g43730) and that the superexpression of GmERD15-like in soybean protoplasts led the induction of both genes, in addition to DNAJ (Glyma14g31810). CDC2, DNAJ and F-Box are all induced by drought. These results indicate that GmERD15-like controls a selected group of genes induced by hydric stress.

Sumário

INTRODUÇÃO	1
REVISÃO DE LITERATURA	4
A RESPOSTA A ESTRESSE OSMÓTICO EM PLANTAS	4
A VIA DE RESPOSTA A PROTEÍNAS MAL DOBRADAS DO RETÍCULO ENDOPLASMÁTICO.....	6
A VIA INTEGRADA DE RESPOSTA A ESTRESSE OSMÓTICO E NO RE, MEDIADA PELAS NRPS	10
ERD15 – EARLY RESPONSIVE TO DEHYDRATION 15.....	12
O MOTIVO PAM2 – MOTIVO DE INTERAÇÃO COM PROTEÍNAS QUE SE LIGAM A CAUDA POLI (A).....	15
METODOLOGIA	18
CONSTRUÇÕES PLASMIDIAIS.....	18
MATERIAL VEGETAL.....	19
TRANSFORMAÇÃO VIA <i>AGROBACTERIUM</i>	20
CONFIRMAÇÃO DAS PLANTAS TRANSGÊNICAS	20
CONDIÇÕES DE CRESCIMENTO, TRATAMENTO E COLETA DO MATERIAL VEGETAL.....	21
EXPRESSÃO TRANSIENTE EM PROTOPLASTOS	23
MICROSCOPIA CONFOCAL.....	23
EXTRAÇÃO DE RNA E SÍNTESE DE CDNA	23
REAL-TIME PCR	24
ANÁLISES <i>IN SILICO</i> DE DADOS	24
MONOHÍBRIDO	26
RESULTADOS E DISCUSSÃO	27
A SUPERFAMÍLIA PAM2-LIKE.....	27
FILOGENIA DA FAMÍLIA ERD15-LIKE EM <i>ARABIDOPSIS</i> , SOJA E ARROZ	32
PERFIL DE EXPRESSÃO EM RESPOSTA À SECA DOS GENES ERD15-LIKE DE <i>ARABIDOPSIS THALIANA</i> E <i>GLICINE MAX</i>	37
INFLUÊNCIA DE MEMBROS DA FAMÍLIA ERD15-LIKE SOBRE PARÂMETROS FENOTÍPICOS E FISIOLÓGICOS EM <i>ARABIDOPSIS</i>	41
LOCALIZAÇÃO SUBCELULAR DE MEMBROS DA FAMÍLIA ERD15-LIKE	48
GMERD-LIKE (GLYMA02G42860) COMO MODULADOR TRANSCRICIONAL	53
CONCLUSÕES	56
REFERÊNCIAS	57

Introdução

As células eucarióticas precisam adaptar-se continuamente a variações em seu ambiente externo, sejam de natureza física, química ou em função de estímulos extracelulares, como hormônios ou contato com patógenos microbianos. Tais variações passam a constituir ameaça à sobrevivência do organismo quando ultrapassam certo limite, sendo denominadas estresses. De modo a responder aos estresses ambientais, as células eucarióticas desenvolveram uma miríade de vias de sinalização, que vão desde a percepção do sinal de estresse, até a reprogramação gênica, adaptação metabólica e controle de danos (Cramer et al., 2011). A flexibilidade e rapidez de resposta ao estresse são especialmente importantes para as células vegetais, que apresentam uma complexidade de mecanismos de resposta superior à encontrada em animais.

A integração de vias de resposta a diferentes estresses é frequentemente observada devido à sobreposição de efeitos secundários (Pearce, 2001; Harding et al., 2003; Rizhsky et al., 2004; Kroemer et al., 2010; Teske et al., 2011). De modo geral, estresses abióticos, como seca, frio ou alta salinidade, têm consequências gerais similares para as plantas e demandam respostas similares. Logo, plantas respondem ao estresse osmótico ou oxidativo, ou seja, às consequências do que seriam adversidades ambientais totalmente distintas e não relacionadas num primeiro momento (Huang et al., 2012).

Dentre as vias de resposta a estresse mais estudadas em plantas estão a URP (Unfolded protein response) (Iwata & Koizumi, 2012; Howell, 2013) e a resposta a estresse osmótico (Qin et al., 2011; Huang et al., 2012). Uma nova via que integra as respostas a estresse osmótico e no RE foi identificada em soja, através do reconhecimento do transcriptoma compartilhado por estresse osmótico (plantas tratadas por PEG) e estresse no RE (induzido por tunicamicina) (Irsigler et al., 2007). Essa nova via é mediada pelas proteínas N-rich (NRPs), sendo sinergicamente induzida pela ocorrência simultânea de ambos os estresses e levando a morte celular programada (Costa et al., 2008). Foi determinado que as proteínas NRPs transduzem o sinal de morte celular

através da indução das proteínas NAC81 e NAC30, que por sua vez transativam a expressão do gene da proteína VPE (caspase-1-like) (Faria et al., 2011, Mendes et al., 2013). Atuando *upstream* às proteínas NRPs, foi identificada, através de monohíbrido em leveduras, a proteína GmERD15-like (Glyma02g42860) pela sua capacidade de se ligar e ativar o promotor de NRP-B (Alves et al., 2011).

A proteína GmERD15-like de soja tem sido caracterizada pela sua atividade de fator transcricional capaz de se ligar ao promotor e ativar a expressão do gene NRP-B que conecta sinais de estresses a uma resposta de morte celular programada (Alves et al., 2011). Em *Arabidopsis*, um homólogo da proteína GmERD15-like foi originalmente identificada como AtERD15 (AT2G41430), tendo sido caracterizada por seu papel antagonista na sinalização por ABA e por ácido salicílico (Kariola et al., 2006). Entretanto, AtERD15 não exibe atividade transcricional (Alves et al., 2011). O fenótipo mais sensível a frio típico de plantas de *Arabidopsis* superexpressando AtERD15 também contrasta com o aumento de tolerância a frio conferido pela superexpressão de SIERD15 em tomateiros transgênicos (Ziaf et al., 2011). Apesar desses antagonismos em função, diversos estresses induzem a expressão de diferentes proteínas ERD15-like, sendo assim reconhecidas como proteínas de resposta geral a estresse (Walley et al., 2007).

A proteína GmERD15-like pertence à família PAM2-like de proteínas, cujo motivo PAM2 (PABC-interacting motif) tem sido caracterizado pela sua interação com o domínio PABC encontrado em proteínas que ligam a cauda poli-A (PABP) dos mRNAs. O motivo PAM2 tem sido encontrado em uma diversidade de proteínas de eucariotos como um sítio de interação relevante para PABP, que exibe funções vitais no metabolismo do RNA, como biogênese, exportação do núcleo, e estabilidade, e também para alguns tipos de E3-ubiquitina ligase (Albrecht & Lengauer, 2004). Apesar da relevância do motivo PAM2, uma análise abrangente de sua ocorrência em proteínas diferentes do reino vegetal ainda não foi conduzida. Nesta investigação, a família das proteínas PAM2-like foi caracterizada filogeneticamente em *Arabidopsis*, soja e arroz. Entre as subfamílias detectadas, a análise se estendeu para caracterizar a subfamília ERD15-like, em relação à sua filogenia, responsividade à seca e função celular. O perfil de resposta das proteínas ERD15-like presentes no proteoma de *Arabidopsis* e soja foi analisado a partir de dados de micro arranjo

de plantas estressadas por seca. Foram realizados ensaios de complementação de função com plantas de *Arabidopsis knockdown* para AtERD15 (AT2G41430), com homólogos de soja (Glyma02g42860) e arroz (Os07g46670). Conjuntamente, a localização subcelular desses mesmos membros da família ERD15-like foi investigada em expressão estável (*Arabidopsis*) e transiente (tabaco). Por fim, o papel de ativador transcricional previamente identificado foi avaliado em ensaio de monohíbrido e superexpressão em protoplastos.

Revisão de literatura

A resposta a estresse osmótico em plantas

Os estresses abióticos geram nas plantas tanto consequências específicas de cada estresse como consequências gerais em comum. Portanto, é previsível a existência de respostas gerais da planta a conjuntos diversos de estresses. A seca, por exemplo, limita o crescimento da planta através da redução da eficiência fotossintética, interfere na disponibilidade de nutrientes no solo e impõe restrições a diversos processos no organismo devido ao estresse osmótico. Já a alta salinidade do solo leva a seca fisiológica e a toxicidade iônica. Ao passo que, o frio também leva ao estresse osmótico, além de ter um efeito direto no metabolismo. Em comum, tanto a seca, como a alta salinidade e o frio, apresentam como consequência secundária os estresses osmótico e oxidativo (Huang et al., 2012). Logo, existe nas plantas uma resposta geral ao estresse osmótico.

As plantas respondem ao estresse osmótico através de alterações que resultam principalmente na redução da perda de água através dos estômatos e da cutícula, maximização da absorção de água através da raiz e manutenção da homeostase osmótica através do ajustamento do potencial osmótico das células (Huang et al., 2012). Existem tanto sinalizações como respostas, específicas e gerais, para os estresses abióticos aos quais as plantas podem vir a ser submetidas. A sinalização geral do estresse osmótico, ou sinalização primária, começa pela percepção de um sinal externo pela membrana plasmática, talvez em função de mudanças nas propriedades físicas da mesma, como já foi sugerido (López-pérez et al., 2009 e Amiri et al., 2010). A percepção do sinal é seguida pela liberação de mensageiros secundários como cálcio, espécies reativas de oxigênio e inositol-fosfatos. Os mensageiros secundários levam principalmente a uma alteração no nível de Ca^{2+} da célula, que é percebido por proteínas ligantes de cálcio. Estas por sua vez interagem com outras proteínas que iniciam cascatas de fosforilação e interagem com genes de resposta a estresse ou fatores de transcrição (TF) que controlam esses genes. Por fim, os genes de resposta levam à adaptação da planta a condição de estresse. Outra consequência da sinalização primária é o aumento na síntese de hormônios de resposta a estresse, como o ácido abscísico (ABA),

o ácido salicílico (SA) ou o etileno. Esses hormônios amplificam o sinal inicial e iniciam outras cascatas de sinalização, que podem levar a mesma via do sinal inicial ou tomar vias diferentes.

O fito hormônio ABA é um importante modulador do desenvolvimento, atuando na inibição da germinação, manutenção da dormência nas sementes, regulação do crescimento, queda dos frutos e fechamento dos estômatos. Paralelamente, ABA é um importante hormônio de resposta a estresses abióticos de um modo geral, sendo chamado de “hormônio de estresse” (Qin et al., 2011). A via de sinalização mediada por ABA é negativamente regulada por duas fosfatases tipo 2C (Protein Phosphatase type 2C – PP2C). Em situações em que há estresse, as PP2Cs têm sua atividade inibida pela ligação com as proteínas PYR1/PYLs/RCARs (pyrabactin resistance 1/Pyr-like/regulatory component of ABA receptors), na presença de ABA (Park et al., 2010). A inativação das PP2Cs resulta na ausência de inibição da atividade das cinases SnRK2 (Sucrose non-fermenting 1-related protein kinase 2), que por sua vez ativam os TF bZIP (basic leucine zipper) (Kim et al., 1997), como os AREB/ABF, (ABA-responsive element-binding protein/ABA responsive factor) através da fosforilação. Por fim, os TFs AREB/ABF promovem a transcrição de genes de resposta ao estresse osmótico através da ligação aos cis-elementos ABRE (ABA-responsive element). ABA também tem um papel no fechamento dos estômatos, na ocorrência de seca. Em situações normais as PP2Cs atuam desativando a cinase OST1 (open stomata 1) nas células guarda. Na presença do hormônio, a cinase OST1 é ativada, como resultado da desativação das PP2Cs mediada pela ligação as proteínas PYR/RCAR e ABA. A atividade da OST1 resulta na fosforilação e inativação do canal KAT1, que permite a passagens de íons K^+ do apoplasto para o citoplasma, e na fosforilação e ativação do canal SLAC1 (slow anion channel-associated 1), que permite o fluxo de íons Cl^- do citoplasma para os apoplastos, o que resulta no fechamento dos estômatos (Qin et al., 2011).

Independentemente da via de sinalização mediada por ABA, existem vias mediadas por TFs da família AP2/ERF (APETALA2/ethylene-responsive factor). O subgrupo DREB2 (dehydration responsive element-binding protein 2) da família AP2/ERF é induzido por estresse salino e estresse causado pela seca. Os TFs DREB2 induzem a transcrição de genes de resposta ao estresse osmótico através da ligação ao cis-elemento CRT/DRE (C-repeat-binding

factor/dehydration responsive element). Foi observado que os TFs DREB2 podem interagir com os TF AREB/ABF, indicando uma possível cooperação entre as vias (Lee et al., 2010). Proteínas da família NAC (NAM, ATAF1, 2, CUC2) ou que contém o homeodomínio dedo de zinco são também capazes de transmitir sinais de estresse através da indução da expressão da proteína ERD1 (Early responsive to dehydration 1) (Tran et al., 2007, Pinheiro et al., 2009).

A via de resposta a proteínas mal dobradas do retículo endoplasmático

A síntese de proteínas funcionais é um processo que compreende tanto a polimerização de peptídeos como o enovelamento correto do polipeptídeo nascente e sua correta modificação pós-traducional. Assegurando a qualidade do processo de síntese de proteínas e preservando o bom funcionamento celular, existe sistema de vigilância, conhecido como controle de qualidade (Quality Control – QC). Proteínas associadas à membrana ou destinadas à secreção são processadas no retículo endoplasmático (RE), onde há um controle de qualidade particularmente sofisticado, conhecido como controle de qualidade do retículo endoplasmático (Endoplasmic Reticulum Quality Control – ERQC) (Ellgaard, L. e Helenius, A., 2003). Em plantas, o funcionamento do ERQC já é conhecido a um determinado nível, em parte através do estudo da BiP (Binding Protein), uma chaperone HSP70 residente no RE, que tem um papel central na homeostase da organela e por isso tem sido alvo de muitas pesquisas (Morris et al., 1997, Leborgne-Castel et al., 1999, Cascardo et al., 2000, Alvim et al., 2001, Valente et al., 2009, Reis et al., 2011, Carvalho et al., 2013). Existem, contudo, situações como o choque térmico, o estresse oxidativo e a presença de substâncias que prejudicam o enovelamento correto das proteínas, em que o ERQC não é suficiente para impedir o acúmulo de proteínas mal dobradas, ocorrendo um quadro que é conhecido como estresse do RE. Passa a ser necessária uma intervenção para que a célula não seja prejudicada. Tal intervenção é conhecida como a via de resposta a proteínas mal dobradas (Unfolded Protein Response – UPR) (Iwata & Koizumi, 2012).

A UPR é minuciosamente relacionada ao ERQC e funciona através da indução coordenada de genes envolvidos no ERQC. Dentre esses genes, existe um conjunto de chaperones constitutivamente expressas envolvidas na

maturação das proteínas nascentes. Cada um dos genes componentes do ERQC e da UPR é geralmente codificado por múltiplas cópias gênicas, o que implica em sua diversificação funcional. Existe certo grau de conservação dos componentes do ERQC e da UPR entre os eucariotos, incluindo as plantas. (Iwata & Koizumi, 2012; Howell, 2013). Em situações diversas em que a síntese de proteínas é afetada e há aumento na demanda da capacidade de processamento do RE, a expressão dos genes dessas chaperones é coordenadamente aumentada, para que a capacidade de processamento da organela aumente de modo a atender a demanda. Caso as proteínas mal dobradas se acumulem no RE, o excedente pode ser encaminhado para a degradação associada ao RE (ER-associated degradation – ERAD), um processo que envolve retro translocação para o citoplasma e degradação pelo proteassoma (Vembar & Brodsky, 2008).

De modo geral, a resposta ao estresse no RE envolve a redução geral na síntese de proteínas, aumento da capacidade de processamento do RE através da ativação da expressão de proteínas residentes no RE, como as chaperones e as foldases, e a indução da ERAD (Schroder & Kaufman, 2005; Howell, 2013). Entretanto, se o estresse no RE se prolonga, a célula pode iniciar os processos de autofagia ou de morte celular programada (Programed cell death – PCD) como último recurso para evitar prejuízos maiores para o organismo (Howell, 2013). Wang e colaboradores demonstraram, em 2007, o envolvimento da proteína dimérica associada à membrana do RE, G β -G γ , na indução de morte celular associada à UPR. A inativação da subunidade AGB1 da proteína G β protegia a planta contra morte celular programada induzida por tunicamicina. Porém, em experimentos posteriores foi observado um aumento de sensibilidade a estresse no RE em duplo mutantes *atire1a atire1b*, com perda de função para AGB1 (Chen & Brandizzi, 2012). Apesar da falta de clareza no papel de AGB1, os estudos demonstraram que AtIRE1 e AGB1 controlam independente e antagonicamente duas vias de UPR.

Em ensaios experimentais, a UPR é geralmente induzida pelo uso de tunicamicina, que previne a biossíntese de cadeias de N-glicano que são transferidas para muitas proteínas no RE (Koizumi et al., 1999). Alternativamente, são usados o ditiotreitol DTT, que inibe a formação de ligações dissulfídicas, e a tapsigargina, que perturba a homeostase do Ca²⁺ no RE por inibir a atividade da ATPase-Ca²⁺ localizada na organela. A

tapsigargina, porém, é ineficaz para a indução da UPR em plantas (Liang & Sze, 1998).

O mecanismo molecular da via de sinalização da UPR é razoavelmente similar entre os eucariotos, incluindo as plantas. Em leveduras existe a proteína IRE1 (Inositol-requiring enzyme 1) associada à membrana do RE, que possui um domínio sensor N-terminal voltado para o lúmen do RE, e domínios cinase e ribonuclease no C-terminal, do lado citosólico. Sob condições normais a porção N-terminal está associada à proteína BiP, o que previne sua oligomerização. Quando há um aumento da concentração de proteínas mal dobradas na organela, há um aumento da demanda de BiP para auxiliar no dobramento dessas proteínas. Assim, IRE1 fica livre para oligomerizar e auto-transfosforilar, o que ativa seu domínio de ribonuclease (Iwata & Koizumi, 2012). Adicionalmente, o domínio sensor é capaz de detectar resíduos hidrofóbicos de proteínas mal dobradas (Gardner & Walter, 2011). Uma vez ativado, o domínio ribonuclease catalisa o *splicing* não convencional, ou *splicing* citosólico, do TF HCA1, através do reconhecimento e clivagem de dois loops-haste no seu mRNA. O mRNA HCA1s (HCA1 spliced) codifica um TF que ativa a expressão de genes relacionados a UPR, como a BiP. Essa capacidade é conferida pela adição de um domínio de transativação na proteína HCA1s.

Em animais, além do sistema de sinalização conservado por IRE1, existem também outros dois transdutores de sinais: ATF6 (activating transcription factor 6) e PERK [Type I receptor-like protein kinase (PKR-like) ER kinase]. Analogamente à sinalização em leveduras, o IRE1 de animais catalisa a clivagem do mRNA de XBP1 (X-box-binding protein 1), que possui um domínio bZIP. Há uma mudança de quadro de leitura após o *splicing*, que confere um domínio de transativação C-terminal a XBP1. O IRE1 de animais tem também a função de degradar mRNAs codificadores de proteínas secretórias, mecanismo que é denominado de decaimento regulado de RNA dependente de IRE1 (RIDD) (Hollien et al., 2009). O ATF6 (activating transcription factor 6) é outro fator de transcrição bZIP envolvido na sinalização em animais. Sob condições normais, ATF6 está localizado na membrana do RE. Porém, quando a organela está sob estresse, ATF6 é translocado para o Golgi e clivado por duas proteases, S1P e S2P (Site-1 protease e Site-2 protease, respectivamente) (Ye et al., 2000). Isso libera a porção N-terminal da

proteína, que é translocada para o núcleo e ativa a expressão de genes da UPR. Por fim, existe um terceiro sistema de sinalização no RE de animais, através da PERK. No RE estressado a PERK está ativada e fosforila o eIF2 α (eukaryotic initiation factor- α). Por sua vez eIF2 α reprime a tradução de proteínas em geral e induz a expressão de alguns genes, dentre eles ATF4, um TF implicado na ativação de genes envolvidos no metabolismo, no status redox da célula e na regulação de apoptose (Teske et al., 2011 e Iwata & Koizumi, 2012).

Em plantas, já se sabia da existência de homólogos IRE1 desde 2001, por Koizumi e colaboradores, mas seus RNAs alvos só foram descobertos anos mais tarde (Deng et al., 2011 e Nagashima et al., 2011). A proteína bZIP60 tem um domínio transmembrana próximo a seu C-terminal e se localiza no RE. Na ocorrência de estresse, a IRE1 catalisa o *splicing* citosólico do mRNA codificante de bZIP60, que resulta na remoção do domínio transmembrana. A forma bZIP60s (bZIP60 spliced) é capaz de se deslocar para o núcleo e ativar a expressão de genes da UPR (Iwata et al., 2008). Apesar de não ter uma sequência de nucleotídeos semelhante a HAC1 e XBP1, o mRNA de bZIP60, assim como as análogas de leveduras e animais, possui os loops-haste, com nucleotídeos conservados nos dois loops. Esses loops são essenciais para a ocorrência do *splicing*, como demonstrado por Deng e colaboradores (2011). Analogamente à TF ATF6 de animais, existem em *Arabidopsis* as proteínas bZIP17 e bZIP28 (e os ortólogos bZIP39 e bZIP60 em arroz), que são clivadas pelas proteases S1P e S2P no Golgi, sob condições de estresse. Assim como ATF6, uma porção da proteína é liberada, que inclui um domínio bZIP, e é translocada para o núcleo (Liu et al., 2007). A proteína bZIP28 induz os genes da UPR através do reconhecimento de cis-elementos, denominados ERSE (ER stress response element). Esse reconhecimento é auxiliado pelas proteínas do complexo NF-Y (Liu & Howell, 2010).

Existem fortes evidências que os braços de sinalização do estresse no RE mediados por bZIP60 e por bZIP60/bZIP27 convergem, uma vez que tais proteínas tendem a se heterodimerizar em leveduras e que genes como BIP3 são parcialmente dependentes de ambos braços para serem upregulados em *Arabidopsis* (Liu & Howell, 2010). Recentemente, foi demonstrado que IRE1a tem um papel no estabelecimento da resistência sistêmica adquirida (SAR) em resposta a infecção por patógenos em *Arabidopsis* (Moreno, 2012). Ao que

parece, não há em plantas ortólogos de PERK, mas há evidências de um mecanismo similar ao RIDD de animais (Iwata & Koizumi, 2012).

A via integrada de resposta a estresse osmótico e no RE, mediada pelas NRPs

A via integrada de resposta ao estresse osmótico e no RE foi observada pela primeira vez através da análise do perfil de expressão genético em soja sob estresse no RE, induzido por TUN (tunicamicina) e AZC (L-azetidine-2-carboxylic acid), e estresse osmótico, induzido por PEG (Polyethylene glycol) (Irsigler et al., 2007). Foram identificados genes induzidos pelos dois tratamentos, os quais foram considerados parte da via integrada de resposta a estresse osmótico e no RE, baseado em suas cinéticas de indução similares em resposta aos tratamentos e no sinergismo de sua resposta à combinação dos dois estresses. Dentre os genes identificados que possuíam o maior sinergismo estavam membros da classe de proteínas que contém domínios NAC (NAM, ATAF1, ATAF2 e CUC2), um homólogo da proteína associada à ubiquitina (Ubiquitin-associated - UBA) e proteínas NRPs (N-rich proteins), mediadoras chave na indução da morte celular na ocorrência de estresse osmótico e no RE em soja (Costa et al., 2008). As proteínas NRPs recebem esse nome devido à presença de um grande número de resíduos de asparagina no seu N-terminal. Há ainda o domínio de desenvolvimento e morte celular (development and cell death domain – DCD), presente em seu C-terminal, altamente conservado (Tenhaken et al., 2005). A superexpressão das NRPs (NRP-A [Glyma08g02840] e NRP-B [Glyma05g36700]) em protoplastos de soja induz a atividade do tipo caspase-3 e a fragmentação do DNA e a expressão transiente em folhas causa o amarelecimento, perda de clorofila, produção malonaldeído, evolução do etileno e indução do gene *CP1* (cisteína protease 1), marcador de senescência. Juntos esses resultados indicam ocorrência de morte celular programada e senescência (Costa et al., 2008).

Recentemente foi demonstrado que as proteínas GmNAC30 (anteriormente denominada GmNAC32) (Glyma05g32850) e GmNAC81 (anteriormente denominada GmNAC6) (Glyma12g02540), heterodimerizam-se no núcleo para regular a atividade de promotores alvo, que possuem o cis-elemento TGTG[TGC], funcionando tanto como repressores quanto como ativadores da expressão (Mendes et al., 2013). A proteína GmNAC81, já havia

sido descrita anteriormente como sendo um componente *downstream* da via de morte celular mediada por NRPs, sendo induzida por estresses osmótico e do RE (Faria et al., 2011). As proteínas GmNAC81 e GmNAC30, da família NAC de soja, assim como as NRPs, estão envolvidas em processos de desenvolvimento e morte celular. Membros dessa família contêm um domínio N-terminal de ligação ao DNA, altamente conservado, e uma região C-terminal, pouco conservada, que funciona como domínio de ativação de transcrição (Hegedus et al., 2003). Diversos estresses, de origem abiótica ou biótica, podem induzir GmNAC81 e GmNAC30, porém sua indução é sempre precedida pela indução das NRPs. Consistente com essa observação, a expressão das NRPs ativa o promotor de GmNAC81 e induz sua expressão, o que sugere que GmNAC81 e GmNAC30 sejam componentes *downstream* da via de morte programada mediada pelas NRPs (Faria et al., 2011; Mendes, 2013).

A proteína GmERD15-like (Early responsive to dehydration 15) (Glyma02g42860) foi identificada como componente *upstream* na via de sinalização de morte celular das NRPs (Alves et al., 2011a). GmERD15-like foi isolada em ensaios de monohíbrido em leveduras, utilizando o promotor de NRP-B como isca. Além de sua capacidade de se ligar estavelmente *in vitro* ao promotor de NRP-B, foi demonstrado que GmERD15-like tem a capacidade de atuar como ativador transcricional em leveduras, ligar-se ao promotor de NRP-B *in vivo* e localizar-se tanto no citoplasma como no núcleo, sendo capaz de ativar a expressão do gene NRP-B, em ensaios transientes em protoplastos de soja (Alves et al., 2011a). Coletivamente, esses resultados implicam GmERD15-like como um fator de transcrição responsável pela indução da expressão de NRP-B, conectando a via de resposta a estresse no RE a um sinal de morte celular induzido por estresse osmótico.

Recentemente, foi demonstrado que a indução de morte celular mediada pela via integrada de resposta a estresse osmótico e no RE pode ser inibida por um aumento na expressão de BiP (Glyma05g36620) (Reis et al., 2011). A superexpressão de BiP é capaz de inibir o aparecimento das características fenotípicas relacionadas a morte celular programada, assim como dos marcadores moleculares associados à PCD, incluindo a indução de NRP-A, NRP-B e GmNAC81. Contrariamente, o silenciamento de BiP endógeno acelera o processo de senescência foliar, mediada pela expressão ectópica de

NRP-A, NRP-B e GmNAC81. Estes resultados indicam que BiP regula negativamente a via integrada de resposta a estresse osmótico e no RE. Parte da inibição causada pela superexpressão de BiP em eventos de sinalização de PCD por estresse pode estar ligada a atenuação da UPR em linhagens mutantes. Tal atenuação é, porém, dependente do tempo e da intensidade do estresse (Carvalho, 2013). Consistente com estes resultados, overexpressão de BiP em plantas transgênicas de soja e tabaco leva a atenuação de morte celular induzida por seca e confere às plantas transgênicas maior tolerância a condições de déficit hídrico (Alvim et al, 2001; Valente et al., 2009).

Há evidências da indução dos componentes da via de morte celular mediada pelas NRPs tanto em função de estímulos abióticos, como em função de estímulos bióticos. Interessantemente, a superexpressão de BiP não atenua a indução da via de morte mediada pelas NRPs, ao contrário, intensifica sua ativação na exposição a patógenos e a SA (Carvalho, 2013). Tal comportamento indica que a via mediada pelas NRPs é responsiva a uma maior variedade de estímulos. Especialmente no caso de GmERD15-like, sua indução em resposta a diversos estímulos bióticos e abióticos e principalmente sua rápida indução em resposta a dano mecânico levaram a proposição de sua participação na via de resposta geral a estresse (Walley et al., 2007).

ERD15 – Early Responsive to Dehydration 15

O gene AtERD15 (AT2G41430) foi identificado, juntamente com outros diversos genes, por ser rapidamente induzido por estresse hídrico (Kiyosue et al., 1994). Análises *in silico* revelam que o homólogo de *Arabidopsis* de AtERD15 e as proteínas relacionadas formam uma pequena família de genes expressos ubiquamente, restrita a plantas. Os membros da família ERD15-like são proteínas ácidas, que apresentam um tamanho que varia de 99 a 177 aminoácidos em *Arabidopsis*, soja e arroz. Todas elas contêm o motivo PAM2, assim como um motivo associado a PAM2 (PAM2 associated element 1 – PAE1) próximo ao N-terminal. Há ainda uma região acídica altamente conservada e o motivo QPR no C-terminal.

O motivo PAM2 é o segundo de dois motivos (PAM1 e PAM2) de ligação ao domínio C-terminal PABC, presente na família das PABPs (poly (A)-binding proteins) e de ubiquitina-proteína ligases HYD (hyperplastic discs) (Albrecht & Lengauer, 2004). PAM1 e PAM2 foram primeiramente descritos na proteína

Paip1 de humanos (Roy, 2002). Proteínas que contêm PAM2 tem funções geralmente relacionadas ao metabolismo de mRNA ou a formação do arcabouço para montagem do complexo da ribonucleoproteína (RNP) sobre a cauda poli-A de mRNAs (Albrecht & Lengauer, 2004). Predominantemente localizado na porção C-terminal de proteínas de animais e leveduras, PAM2 localiza-se, entretanto, na porção N-terminal das proteínas da família ERD15-like. O motivo PAE1, adjacente ao PAM2, está presente de forma ubíqua na família das proteínas ERD15-like, mas ainda não possui função conhecida. Ele é seguido por uma região acídica não conservada, mas presente em todos os membros da família, sendo possivelmente um remanescente do motivo PAM1, presentes nas proteínas Paip1 e Paip2 de humanos (Aalto et al., 2012). Seguindo a região acídica está o motivo QPR, uma sequência conservada de aminoácidos (isoleucina-glutamina/histidina-glutamina-prolina-arginina) (Aalto et al., 2012), presente nos membros da família ERD15-like de *Arabidopsis*, mas ausente em dois dos seis genes homólogos de *Glicine max*.

Em *Arabidopsis* o gene AtERD15 (AT2G41430) codifica para uma proteína de 163 aminoácidos e pode produzir quatro transcritos diferentes a partir de *splicing* alternativo, sendo que em um deles o motivo C-terminal QPR está ausente (Aalto et al., 2012). Foi relatado que ERD15 (AT2G41430), assim como GmERD15-like (Glyma02g42860) tem a capacidade de atuar como transativador de expressão em leveduras, possivelmente através de seu motivo ácido (Bravo, 2005). Essa interação não foi novamente observada, porém, em estudos posteriores (Alves et al., 2011b). Além de ser rapidamente induzida por estresse hídrico (Kiyosue et al., 1994), a expressão de AtERD15 também é induzida por tratamento com *Erwinia carotovorum* (Brader et al., 2001), por estresse causado por exposição à luz de alta intensidade e exposição ao frio (Dunaeva & Adamska 2001), assim como pelo estresse salino (Park et al., 2009), por hipergravidade (Yoshioka et al., 2003), por elicitores patogênicos (Timmusk & Wagner 1999), por SA, ABA e ferimentos (Kariola et al., 2006). Sua rápida indução por dano mecânico levou AtERD15 a ser incluída na chamada resposta geral a estresse (Walley et al., 2007). AtERD15 é descrita no TAIR (arabidopsis.org) como localizada no citoplasma celular. Há também outra proteína da família ERD15-like em *Arabidopsis*, denominada AtERL15 (AT2G14270) (Aalto et al., 2012), que apresenta 28,7% de similaridade de sequência com AT2G41430. AtERL15 codifica para uma proteína de 143

resíduos de aminoácidos e possui duas formas de *splicing* alternativo. AtERL15 é descrita no TAIR (arabidopsis.org) como localizada no núcleo.

A indução de AtERD15 por ABA e por SA implica um papel duplo para a proteína, presente tanto na resposta ao estresse abiótico quanto na resposta ao estresse biótico. O hormônio ABA induz AtERD15 rapidamente, mas de forma transiente, enquanto que SA, ao contrário, induz AtERD15 de forma lenta e duradoura. Em concordância com essa observação, Kariola e colaboradores (2006) demonstraram o papel de AtERD15 como regulador negativo da sinalização por ABA. O papel de AtERD15 foi analisado através de sua supressão por iRNA ou de sua overexpressão. Foi observado que plantas superexpressando AtERD15 se tornaram menos sensíveis ao hormônio e apresentaram uma menor tolerância a seca e ao frio. Já em plantas onde houve silenciamento de AtERD15 observou-se uma maior resposta ao hormônio ABA e um melhoramento na tolerância das plantas aos estresses causados pela seca e pelo frio. Como ABA tem um efeito antagonista na defesa mediada por SA, o papel duplo de AtERD15 parece ser consistente com seu efeito negativo na sinalização mediada por ABA. Contrariamente as observações em *Arabidopsis*, um membro da família ERD15-like encontrado em *Solanum pennellii* confere tolerância a seca e a estresse causado pelo frio (Ziaf et al., 2011). Independentemente de seu papel antagonista na via de sinalização de ABA observado em *Arabidopsis*, foi demonstrada a capacidade de um membro da família ERD15-like de soja (GmERD15-like) (20,2% homologia com AtERD15) de se ligar ao promotor NRP-B e induzir sua expressão. Isso implica GmERD15-like como membro integrante da via de morte celular mediada pelas NRPs em resposta a estresse osmótico e no RE (Alves et al., 2011a).

Foi demonstrada a presença de GmERD15-like tanto no núcleo celular como no citoplasma, assim como sua capacidade de ligação ao promotor de NRP-B, tanto na forma dsDNA como na forma de ssDNA, mais especificamente em uma região palindrômica de 12 pb (511 – AGCAnnnnTGCT – 500). Observou-se ainda a capacidade de transativação de GmERD15-like em leveduras. A conservação entre o homólogo de ERD15 de *Arabidopsis* estudado por Kariola e colaboradores (2006) (AT2G41430) e o homólogo de *G. max* (Glyma02g42860), porém, é limitada, de modo que uma região de 13 que contém um motivo de ligação a ssDNA putativo

(⁷¹DEDEKERKEGKEV⁸³), similar a encontrada em reguladores transcricionais que se ligam a DNA fita simples (ssDNA binding regulators) (Desveaux et al., 2002), está presente somente na proteína GmERD15-like (Alves et al., 2011b).

Recentemente, foram identificados em um ensaio de imunoprecipitação de cromatina (ChIP), outros promotores aos quais GmERD15-like (Glyma02g42860) tem capacidade de interação em soja (Tese de doutorado: Alves, 2014). Eles incluem os promotores dos genes CDC2 (CDK1; CDC28A; P34CDC2) (Glyma06g17460), DNAJ/Hsp40 (Glyma14g31810) e Kelch/F-Box (Glyma13g43730).

CDC2 é uma serina/treonina cinase, com notações funcionais para ligação ao DNA (GO:0005524), fosforilação de resíduos de aminoácidos em proteínas (GO:0006468) e atividade de cinase proteica (GO:0004672), envolvida na regulação do ciclo celular. Existem outras 3 ocorrências de proteínas com alta homologia a CDC2 no genoma de soja: Glyma04g37630, Glyma05g38410 e Glyma08g01250. DNAJ/Hsp40 é uma chaperone molecular envolvida nos processos de tradução, dobramento, desdobração, translocação e degradação de proteínas, atuando como estimuladora da atividade de ATPase das proteínas Hsp70. Possui notações funcionais para dobramento proteico (GO:0006457), ligação a proteínas de choque térmico (GO:0031072) e ligação a proteínas mal dobradas (GO:005108). Existem mais três proteínas com alta homologia a DNAJ no genoma de soja: Glyma04g41630, Glyma06g13181, Glyma13g08101. Kelch/F-Box contém o motivo Kelch, envolvido em interações inter proteínas, e o domínio F-Box, que medeia ubiquitinação de proteínas alvo para degradação, sendo também associado a funções como transdução de sinal e regulação do ciclo celular. Possui notação funcional de ligação a proteínas (GO:0005515). Há outras 3 ocorrências de proteínas similares a F-Box no genoma de soja: Glyma15g01610, Glyma07g03860 e Glyma08g22170.

O motivo PAM2 – Motivo de interação com proteínas que se ligam a cauda poli (A)

O motivo PAM2 (PABP-interacting motif 2) está presente em várias proteínas de organismos eucarióticos, sendo um importante sítio de ligação para o domínio PABC. O domínio PABC, por sua vez, é encontrado no C-terminal de proteínas de ligação à cauda poli (A) dos mRNAs, envolvidas no

metabolismo de RNA e na formação do arcabouço para montagem do complexo proteína/ácido ribonucléico (RNP) (Chekanova et al., 2003; Mangus et al., 2003). As PABP são constituídas de quatro domínios de reconhecimento de RNA (RRM) e um domínio de PABC (C-terminal). O domínio PABC é encontrado também nas HYD (hyperplastic discs), proteínas-ubiquitina ligases E3 da família das proteínas que contém o domínio HECT (homologous to E6-AP C-terminus).

A estrutura da ligação do motivo PAM2 das proteínas PAIP1 e PAIP2 de humanos ao domínio PABC foi determinada (Kozlov et al., 2004). Três aminoácidos constituintes do motivo PAM2 foram identificados como importantes na ligação, onde a fenilalanina na décima posição participa de interações de empilhamento de anéis aromáticos, a leucina na posição 3 liga-se a um bolso hidrofóbico presente no domínio PABC e os aminoácidos da porção C-terminal do motivo PAM2, sobretudo a prolina na décima segunda posição, ligam-se a um sulco no domínio PABC.

O motivo PAM2 foi relatado como participante em atividades como estimulação e repressão da tradução mRNAs por PAIP1 e PAIP2, respectivamente (Craig et al., 1998; Khaleghpour et al., 2001a e 2001b), inibição da tradução por miRNA pela proteína TNRC6, em conjunto com proteínas argonautas (Mishima et al., 2011) e decaimento do mRNA pela proteína eRF3 através de interação com PABPC1 (Osawa et al., 2012). A proteína GSPT1/eRF3 de humanos, que contém o domínio PAM2, foi relatada capaz de ligação a inibidores de apoptose, após processamento proteolítico (Hegde et al., 2003). Interessantemente, a interação de PAM2 com as PABP pode ser modulada pela fosforilação de serinas e treoninas dentro das IDR (intrinsic disorder region) em que o motivo PAM2 geralmente está embebido, o que pode alterar o destino de mRNAs específicos (Huang et al., 2013).

A ocorrência do domínio PAM2 foi verificada associada a outros domínios como o motivo de reconhecimento de RNA (RRM), EFTU-D1/2/3, em homólogos do fator de alongação Tu; o domínio mediano MI4G, no homólogo do fator de alongação 4G; o domínio de ligação a RNA Lsm, de proteínas Sm-like; BTG1, presente na família de proteínas APRO; La, domínio homólogo da proteína de ligação a RNA, La; SAC3, domínio homólogo ao fator de exportação de mRNA de leveduras; Smr, domínio presente nas proteínas MutS-related, envolvidas no reparo a dano no DNA; domínio dedo de zinco;

UvrD, domínio da família REP helicase; dedo de zinco RING; UCH, domínio de ubiquitina hidrolase C-terminal; peptidase-C7, domínio peptidase da família C7 em *hipoviridae* (Albrecht & Lengauer, 2004).

Metodologia

Construções plasmidiais

Os homólogos AtERD15 (AT2G41430) e GmERD15-like (Glyma02g42860) foram isolados a partir de cDNA de *A. thaliana* e de *G. max* por amplificação com primers específicos (Tabela 1) e inseridos por BP clonase (Invitrogen) em pDONR207 e pDONR201, gerando os clones pUFV2117 e pUFV1358, respectivamente. O homólogo OsERD15 (Os07g46670) de *O. sativa* foi amplificado com primers específicos (Tabela 1) a partir do clone pGEM-OsERD15, cedido pela EMBRAPA Arroz e Feijão, e inserido em pDONR207, gerando o clone pUFV2119. Posteriormente, as proteínas da família ERD15-like de *Arabidopsis*, soja e arroz foram transferidos por LR clonase (Invitrogen) para o vetor de expressão em plantas pYFP, gerando os clones pUFV2129, pUFV1470 e pUFV2130, respectivamente, e para o vetor de expressão em leveduras pDEST22, gerando os clones pUFV2334, pUFV1425 e pUFV2335, respectivamente. Para a transformação dos protoplastos soja foi utilizado o clone pUFV1469, com a construção GmERD15-pK7GW2, obtido a partir de pUFV1358 por LR clonase.

No ensaio de monohíbrido em leveduras, fragmentos de 1000pb dos promotores dos genes CDC2 (Glyma06g17460), DNAJ (Glyma14g31850), F-Box (Glyma13g43730), Kelch (Glyma20g22880) e SAM (Glyma03g16360) foram clonados a partir de DNA genômico de soja com primers específicos (Tabela 1). Os produtos das amplificações foram inseridos no vetor pCR®8/GW/TOPO por TOPO clonase (Invitrogen), gerando os clones pUFV2136, pUFV2106, pUFV2137, pUFV2138 e pUFV2214, respectivamente. As construções em pCR®8/GW/TOPO contendo os promotores, juntamente com o clone pUFV1218, que contém um fragmento de 1000pb do promotor de NRP-B em pCR®4/TOPO, foram digeridas com EcoRI para liberação do fragmento de promotor. O produto da digestão foi purificado com o kit QIAquick® Gel Extraction (Qiagen) e ligado ao vetor pHIS2.1, previamente digerido com EcoRI, gerando os clones pUFV2327 (CDC2-527pb), pUFV2328 (CDC2-463pb), pUFV2329 (DNAJ), pUFV2330 (F-Box), pUFV2331 (Kelch), pUFV2332 (SAM) e pUFV2333 (NRP-B). As construções contendo os promotores em pCR®8/GW/TOPO foram utilizadas na obtenção de clones, que

contém os promotores de CDC2, DNAJ, F-Box, Kelch e SAM no vetor de expressão em plantas pMDC162 e foram denominados: pUFV2402, pUFV2403, pUFV2404, pUFV2405 e pUFV2406, respectivamente.

Tabela 1 Primers para clonagem de genes e promotores		
Oligonucleotídeo	Sequência 5' → 3'	Nº de acesso
AtERD15-Fwd	AAAAAGCAGGCTTCACAATGGCGATGGTATCAGG	AT2G41430
AtERD15-Rvs	AGAAAGCTGGGTCTCAGCGAGGCTGGTGGATG	AT2G41430
ProBiP-ERDFwd	AAAAAGCAGGCTTCACAATGGAAGTCATTTCTGGC	Glyma02g42860
ProBiP-ERDRvs	AGAAAGCTGGGTCTCCTACCTGGGCTGGTGAATAGC	Glyma02g42860
OsERD15-Fwd	AAAAAGCAGGCTTCACAATGAGTGCTATGGCG	Os07g46670
OsERD15-Rvs	AGAAAGCTGGGTCTTAGCGAGGCTGGTGGATG	Os07g46670
CDC2HindIII-Fwd	AAGCTTGGAGGCCAGAAAACCCGTC	Glyma06g17460
CDC2 Rv	GTCGACCACATTTTTTCATCTTTTCAT	Glyma06g17460
DNAJ/HSP40 Fw	GAATTCATTAAGATCACAAATCATCT	Glyma14g31850
DNAJ/HSP40 Rv	AAGCTTTGGCAAATAGAAAAAGTAGG	Glyma14g31850
F-BoxHindIII-Fwd	GAATTCTGGCAAATAGAAAAAGTAGG	Glyma13g43730
F-box domain Rv	GTCGACATCATATTTCTTTAAGATAA	Glyma13g43730
KelchHindIII-Fwd	AAGCTTAATCAACTGGTTATACGTAT	Glyma20g22880
Kelch Repeat Domain	GTCGACTCATGAACATTTTATTTTAA	Glyma20g22880
SAMHindIIIb-Fwd	AAGCTTCACATCACTCTTCTACTT	Glyma03g16360
SAMSall-Rvs	GTCGACCTCAAGTACGAAAGTTGGGA	Glyma03g16360

Material Vegetal

A linhagem Salk_073116, mutante nula por inserção de T-DNA para o gene AT2G41430 derivada da linhagem Columbia (Columbia), foi obtida do Salk Institute. A linhagem referida foi transformada com os genes ERD15-like de soja (Glyma02g42860) e arroz (Os07g46670) e com o próprio homólogo de *Arabidopsis thaliana* (AT2G41430) via transformação mediada por *Agrobacterium tumefaciens*. Simultaneamente, a linhagem Columbia foi transformada com AtERD15 (AT2G41430) sob o controle do promotor 35S de CaMV. Todas as plantas transformantes foram selecionadas em higromicina até atingirem homozigose dos genes inseridos, na geração T3. Ao final, foram utilizadas nos ensaios as linhagens selvagem, Salk_073116 [knockout para AtERD15 (AT2G41430)], superexpressando AtERD15 e as de complementação de função na linhagem Salk_073116, com o próprio AtERD15, GmERD15-like (Glyma02g42860) e OsERD15-like (Os07g46670), doravante referidas no texto como Col0, Salk, Col0 At, Salk At, Salk Gm e Salk Os, respectivamente.

Na extração de DNA genômico de soja para isolamento dos promotores e obtenção de protoplastos e no experimento de estresse hídrico para microarranjo, foi utilizada a variedade comercial de soja Conquista, cultivada em estufa, sob luz e proporção dia/noite naturais. Nos trabalhos de análise de expressão por microarranjo conduzidos por Harb et al. (2010) e Su et al. (2013) foi utilizado *Arabidopsis thaliana*, ecotipo selvagem columbiana. Na expressão transiente de proteínas por agro infiltração, foram utilizadas plantas de *Nicotiana bentamiana*.

Transformação via *Agrobacterium*

As construções para expressão em plantas obtidas previamente foram transformadas na cepa de *Agrobacterium tumefaciens* GV3101. As bactérias transformantes foram inoculadas em meio Rhizo (extrato de levedura 5 g/L, caseína 0,5 g/L, manitol 8g/L, (NH₄)₂SO₄ 2g/L, NaCl 5 g/L, ágar 16g/L) (Tepfer e Casse-Delbart, 1987) incubadas por 16 h a 28°C e recuperadas por centrifugação (5 min a 5000g). Os pellets foram ressuspensos em 1 mL do tampão de infiltração (10 mM MgCl₂, 10 mM MES, pH5,6, e 100 µM acetoseringona), centrifugados novamente e ressuspensos no meio de infiltração para OD de 0,2.

As plantas de *Nicotiana tabacum* foram transformadas pelo método descrito por Batoko et al. (2000) para análise de expressão transiente por microscopia confocal. Para análise de expressão estável, bem como para obtenção de linhagens para estudo de complementação de função, as plantas de *Arabidopsis* foram transformadas pelo método mergulho floral com *Agrobacterium tumefaciens* em OD 0,8, assim como descrito por Clough e Bent, 1998.

Confirmação das plantas transgênicas

O DNA total das plantas foi extraído pelo método Dellaporta et al. (1983) e 1 µL do material utilizados na reação de PCR para confirmação da transgenia ou amplificação para isolamento de sequências. Foi utilizada a GoTaq® DNA polymerase (Promega) e o volume final da reação foi de 25 µL. A reação foi aquecida a 94°C por 5 min, submetida a 35 ciclos de amplificação (94°C por 45 seg, 50-55°C, dependendo do primer, por 45 seg, 72°C por 1 min e 30 seg),

com ciclo final de 72°C por 10 min, no termociclador PCR system 9700 (Applied Biosystem).

Para confirmação dos mutantes nulos de *A. thaliana*, foram utilizados os primers Salk_073116LP, Salk_073116RP e LBB1.3 (Tabela 2). Para confirmação dos transformantes foram utilizados primers específicos para cada gene ERD15-like, listados na Tabela 1.

Tabela 2 Primers para confirmação da condição knockout das plantas		
Oligonucleotídeo	Sequência 5' → 3'	Nº de acesso
Salk_073116LP	CGGTGAGAAATCTTCCACTTG	AT2G41430
Salk_073116RP	CCGTTTTGCAACATAACAATG	AT2G41430
LBB1.3	ATTTTGCCGATTTCCGGAAC	T-DNA

Condições de crescimento, tratamento e coleta do material vegetal

As linhagens de *A. thaliana* foram cultivadas em câmara de crescimento e supridas com substrato vegetal (Bioplant). A temperatura ambiente foi regulada para 20°C ($\pm 2^\circ\text{C}$), foto período curto (8h luz/16h escuro), 35 mmol m⁻² s⁻¹ de fluxo de fótons e umidade relativa média de 70%, com variação de 10%. Para o ensaio de estresse hídrico, as sementes foram esterilizadas com uma lavagem de solução de etanol 70% e triton 0,05%, seguida de uma lavagem com etanol 100%. Após a esterilização, as sementes foram plaqueadas em meio MS ½ força (Murashige e Skoog, 1962), sendo mantidas a 4°C por 4 dias e posteriormente transferidas para a câmara de crescimento. Após duas semanas, as plantas foram transplantadas para o solo. Realizado o transplante, as plantas foram divididas em dois grupos: o grupo controle, com dez plantas de cada linhagem; e o grupo tratamento, com 100 plantas de cada linhagem (Col0, Salk, Col0 At, Salk At, Salk Gm e Salk Os). A irrigação foi mantida no grupo controle de modo a manter 100% da capacidade de campo (considerada como a quantidade máxima de água de o solo foi capaz de reter). Já no grupo tratamento, a irrigação foi suspensa a partir da primeira semana pós-transplante. O índice de florescimento e de morte foram calculados a partir das plantas do grupo controle e das plantas do grupo tratamento, sendo obtido a partir da seguinte fórmula: $\sum(\frac{n}{t})$, onde n é o número de plantas que emitiram flores ou plantas mortas e t é o número de dias até cada contagem (Ranal & Santana, 2006 - adaptado).

No ensaio de crescimento de raiz foi adicionado o polietilenoglicol (PEG) ao meio MS ½ força para a concentração final de 2% m/v. No ensaio de germinação as sementes foram plaqueadas em meio MS ½ força e em meio acrescido de ABA nas concentrações de 1 mM e 3 mM.

No trabalho desenvolvido por Carvalho et al. (2013) foram utilizadas plantas de soja (*Glycine max* cv. Conquista) não transformadas, germinadas em estufa em vasos de 3 L contendo uma mistura de solo e adubo (3:1) sob condições naturais de luz, umidade relativa de 65-85% e temperatura variando de 35°C durante o dia a 15°C a noite. As plantas foram estressadas por 25 dias e diferentes pontos foram coletados, em diferentes potenciais hídricos: 19, 23 e 25 dias, $\psi_w = 1.0$, $\psi_w = 1.7$ e $\psi_w = 2.0$, respectivamente. As amostras coletadas foram imediatamente congeladas em nitrogênio e armazenadas em freezer -80°C.

No trabalho desenvolvido por Harb et al. (2010) as sementes foram germinadas em turfa umedecidos (Jiffy Products), estratificadas a 4°C por 2 dias e então transferidas para câmara de crescimento com turnos de 10 horas de luz (100 $\mu\text{mol}/\text{m}^2/\text{s}$ e 22°C. Para o tratamento de seca (progressive drought - pDr) os discos de turfa foram pesados antes da semeadura para determinar a quantidade de água no início do experimento. Dois níveis de seca foram avaliados: dia de murcha e 1 dia anteriormente à murcha, sendo utilizado o segundo nível. Já na seca controlada (moderate drought - mDr), a plantas foram fornecidas com 30% da capacidade de solo, que foi definida com 2 g de água para cada 21 g de solo seco. As plantas foram submetidas a adaptação à seca controlada por 10 dias.

No trabalho desenvolvido por Su et al. (2013), a semeadura foi realizada diretamente em potes sem furos contendo 100 g de uma mistura de solo Metro-Mix 360 (Sun Gro Horticulture Canada) e condicionador de solo Turface seco (Profile Products), numa razão 3:2, com capacidade de campo de 90 g (ou 90%). As sementes foram estratificadas em câmara fria por 2 dias, a 4°C no escuro. Após a estratificação, os vasos foram transferidos para câmara de crescimento Conviron, com condições padrão (22°C, fotoperíodo dia/noite 16/8 h, 300 $\mu\text{mol}/\text{m}^2/\text{s}$ e 60% de umidade), até o pós-florescimento, quando metade das plantas foram submetidas a estresse por seca. Após o início do tratamento, as plantas submetidas a seca tiveram fornecimento de somente 35% da

capacidade de campo, enquanto que o grupo controle foi mantido em 90%. A humidade reativa foi reduzida para 30% para acelerar o processo de seca.

Expressão transiente em protoplastos

Protoplastos foram preparados a partir de folhas de soja (Franceschi, 1984 – modificado). As folhas coletadas foram tratadas por 7 horas com solução enzimática com celulase 2%, pectoliase Y23 0,1%, manitol 0,6 M e MES 20 mM, pH 5,5, sob agitação. Após filtragem com malha de nylon de 65 µm, os protoplastos recuperados por centrifugação, ressuspendidos em 2 mL de solução de manitol 0,6 M e MES 20 mM, pH 5,5 e diluídos em tampão de eletroporação (HEPES-KOH 25 mM, pH 7,2, KCl 10 mM, MgCl₂ 15 mM e manitol 0,6 M). Os protoplastos foram transformados por eletroporação (250V, 250 µF) para o ensaio de expressão transiente. Foram utilizados 10 µg das construções (pK7 vazio e GmERD15-pK7), assim como 30 µg de esperma de salmão, para um volume final de 800 µL. Os protoplastos foram diluídos em 8 mL de meio MS suplementado de ácido 2,4-diclorofenoxiacético 0,2 mg/mL e manitol 0,6 M, pH 5,5. Após 36 horas de incubação no escuro, os protoplastos foram lavados com manitol 0,6 M e MES 20 mM, pH 5,5, congelados em N₂ líquido e armazenados em freezer -80°C.

Microscopia confocal

A localização subcelular das proteínas AtERD15, GmERD15-like e OsERD15-like foi visualizada em expressão estável em plantas de *Arabidopsis* (linhagens Salk At, Salk Gm e Salk Os) de duas semanas de idade e transiente em plantas de tabaco transformadas via *Agrobacterium*. Foi utilizado o microscópio de fluorescência Olympus BX61 acoplado a uma câmera digital. Para detecção da fluorescência do YFP foram utilizados os comprimentos de onda de 514 nm e 560-615 nm, para excitação e emissão, respectivamente.

Extração de RNA e síntese de cDNA

O RNA total foi extraído pelo método do Trizol (Invitrogen), de acordo com as instruções do fabricante. Após extração, o RNA foi tratado com DNase I, RNAase-free, e 3 µg do material utilizadas na síntese de cDNA, com oligo-dT(18) e Transcriptase Reversa M-MLV (Invitrogen), de acordo com instruções

do fabricante. Anteriormente à sua utilização, a qualidade do RNA foi verificada por gel desnaturante de agarose 1,2% e por leitura em espectrofotômetro.

Real-time PCR

Os ensaios de PCR em tempo real foram realizados no equipamento ABI 7500 (Applied Biosystems), assim como informa o manual do fabricante, utilizando o corante SYBR® Green PCR Master Mix (Applied Biosystems) e primers específicos para os genes avaliados (Tabela 3). As condições de amplificação das reações foram: 10 min a 95°C, seguidos de 40 ciclos de 94°C por 15 seg e 60°C por 1 min. Os valores absolutos de expressão foram quantificados pelo método $2^{-\Delta Ct}$. Os valores foram normalizados com os controles endógenos RNA helicase (Irsigler, 2007) e actina (Costa, 2008) (Tabela 3). Os dados foram submetidos à análise estatística e as médias foram comparadas usando o intervalo de confiança pelo teste t, com ($P \leq 0.05$).

Tabela 3	Primers para Real Time	
Oligonucleotídeo	Sequência 5' → 3'	ID da sequência
AtERD15Fwd	CCGGCAGCTGTACGACAAG	AT2G41430
AtERD15Rvs	ACCAAGTCGAAGTTGTCACCAA	AT2G41430
CDC2Fwd	AAGCAAGAAGGCAAAAGGCTTT	Glyma06g17460
CDC2Rvs	GCCACGCTCACGTA CTCTGA	Glyma06g17460
DNAJFwd	GGCTCTAACTCTTCACCCTGACA	Glyma14g31850
DNAJRvs	AACTCCACGCCTCTGAAACAA	Glyma14g31850
F-BoxFwd	CGGGTGAAATACGGAACGTT	Glyma13g43730
F-BoxRvs	TTCCCCAAACCCACTCGAT	Glyma13g43730
KelchFwd	GGTTGCTGAAACAGCCATGA	Glyma20g22880
KelchRvs	GCCCCATCTTTCAGAAGGA	Glyma20g22880
SAMFwd	CCAGGGAGCTTTTACGGAAGA	Glyma03g16360
SAMRvs	GAGAGCCAATGGAGGCTATAGG	Glyma03g16360
Helic fwd	TAACCCTAGCCCCTTCGCCT	AI736067
Helic ver	GCCTTGTCGTCTTCCTCCTCG	AI736067
TobActin Fw	AGCAAGGAAATTACCGCATTAGC	-
TobActin Rv	ACCTGCTGGAATGTGCTGAGA	-

Análises *In silico* de dados

Para análise de dados de micro arranjo, foram utilizados os dados obtidos nos trabalhos desenvolvidos por Carvalho et al. (2013) (GSE50408), representando soja, Harb et al. (2010) (GSE24177) e Su et al. (2013) (GSE40998), representando *Arabidopsis*.

Foram analisados os genes da subfamília das ERD15-like em *Glicine max*, assim como os homólogos de componentes da via integrada de resposta a estresse osmótico e no RE, ou seja, NRPs, NAC81, NAC30 e VPEs. Adicionalmente, representantes da superfamília PAM2-like (proteínas que contêm o motivo PAM2), genes identificados como responsivos à seca (Chen et al., 2013) e homólogos de genes candidatos ao controle transcricional por GmERD15-like (Glyma02g42860) foram incluídos na análise (Tese de doutorado: Alves, 2014). Os IDs de *Arabidopsis* foram obtidos a partir de correspondência com os homólogos analisados em soja, por anotações no phytozome (www.phytozome.com). Na construção dos *heatmaps*, os arquivos de leitura de intensidade de célula (CEL) foram analisados com o pacote R/Bioconductor (Li & Wong, 2001), normalizados pelo método de análise robusta de multiarranjo (RMA) (Irizarry et al., 2003), que está disponível no pacote R/Bioconductor para arranjos da Affymetrix (Kerr et al., 2000). Foi utilizada a biblioteca 'limma' do Bioconductor para análise dos dados de expressão, o pacote 'mclust' para agrupamento dos dados e o pacote 'gplot' para plotagem do *heatmap*. Foi utilizado o valor do \log_2fc (logaritmo na base 2 do contraste entre tratamento e controle) para comparação dos dados. Os valores de expressão de cada gene em cada tratamento apresentados nas Figuras 4, 5 e S1, assim como os respectivos p-valores, estão listados nas Tabelas S2, S3 e S4, respectivamente.

Para a caracterização da superfamília das proteínas que contêm o motivo PAM2 e da subfamília das ERD15-like em *Arabidopsis*, soja e arroz, foram utilizadas bases de dados dos respectivos proteomas (www.phytozome.com) para comparação com bases de dados de motivos PAM2 conhecidos (pfam.sanger.ac.uk/). Uma vez recuperadas as sequências de proteínas que continham domínio PAM2 anotado, foi realizada uma nova busca e reanotação dentro dos bancos de proteoma para aquelas que o possuíam o domínio, mas não a anotação, através do programa HMMER (Finn et al., 2011). Uma vez recuperadas e reanotadas, foram eliminadas dentre as proteínas as formas de *splicing* alternativo, deixando somente a maior variante. A análise filogenética foi realizada com o programa MEGA6 (Tamura et al., 2013), sendo as árvores inferidas pela metodologia de Neighbor-Joining (Saitou & Nei, 1987). Os motivos e domínios conservados entre os grupos identificados foram encontrados com o software HMMER (Finn et al., 2011), através da suíte

HMMsearch, e comparados a base de dados do Phytozome (www.phytozome.org). Somente foram considerados domínios com e-value menor ou igual a 0,01, para a comparação entre a sequência de aminoácidos e os domínios.

Monohíbrido

A levedura *Saccharomyces cerevisiae* estirpe W303 (MATa/MAT α {leu2-3,112 trp1-1 can1-100 ura3-1 ade2-1 his3-11,15} [phi+]), foi utilizada para transformação com 30 μ g das construções em pDEST22 contendo AtERD15 (AT2G41430), GmERD15-like (Glyma02g42860) e OsERD15 (Os07g46670), assim como o próprio vetor vazio. A transformação foi realizada pelo método do acetado de lítio/PEG (Gietz e Woods, 1993), com 2 mg de esperma de salmão. Após a transformação, as leveduras foram selecionadas por sua capacidade de crescimento em meio sintético (synthetic dropout - SD) deficiente em triptofano, por 4 dias a 28°C. As leveduras transformantes foram posteriormente utilizadas para transformação com 30 μ g das construções no vetor pHIS2.1, contendo os promotores dos genes CDC2, DNAJ, F-Box, Kelch e SAM, assim como o vetor vazio. A seleção de transformantes com interações positivas foi realizada em meio SD deficiente em triptofano e histidina, suplementado de 5 mM de 3-amino-1,2,4-triazol (3AT). As colônias co-transformantes capazes de crescer em SD -Trp -His +3AT 5 mM foram inoculadas em meio SD -Trp -His líquido e incubadas até OD₆₀₀ = 1,0. As culturas foram diluídas de 10 e 100 vezes (OD₆₀₀ = 0,1 e 0,01) e plaqueadas em gotas (20 μ L) no meio sólido com concentrações crescentes de 3AT, de 10 mM, 20 mM, 50 mM e 100 mM, para avaliação da força de interação.

Resultados e Discussão

A superfamília PAM2-like

O motivo PAM2, também denominado região C-terminal ataxina-2 (Ataxin-2 C-terminal region), é conhecido por sua capacidade de ligação ao domínio C-terminal PABC, presente nas proteínas de ligação à cauda poli-A (PABPs). De modo a caracterizar a superfamília das proteínas que contém o motivo PAM2 em *Arabidopsis*, soja e arroz, foram recuperadas as sequências protéicas da família das proteínas PAM2-like. Dentre as sequências recuperadas, foram identificadas 72 proteínas que contém o domínio PAM2, sendo que 19 delas pertencem a *Arabidopsis*, 31 são de soja e 22 pertencem a arroz. A análise filogenética das sequências da família PAM2-like, apresentada na Figura 1, divide a família em 7 grupos dentro das 72 sequências analisadas. Todos os grupos são representados por proteínas PAM2-like de todas as três espécies vegetais. O grupo A, formado por 11 proteínas que constituem a subfamília ERD15-like, com número variado de representantes para cada espécie de planta, sendo 2 de *Arabidopsis*, 6 de soja e 3 de arroz. O grupo B, composto por 8 proteínas, com 3 representantes de soja, 2 de *Arabidopsis* e 3 de arroz. O grupo C, também constituído por 8 proteínas, 5 de soja, duas de *Arabidopsis* e 1 de arroz. O grupo D e o grupo E, ambos representados por 8 proteínas, sendo 2 de *Arabidopsis*, 4 de soja e 2 de arroz. O grupo F, composto por 20 proteínas, 7 de *Arabidopsis*, 7 de soja e 6 de arroz. E o grupo G, formado por 6 proteínas, sendo 2 de *Arabidopsis*, 2 de soja e 2 de arroz. Três proteínas de arroz, Os02g04325, Os09g03780 e Os01g56610, ficaram isoladas dos 7 grupos principais.

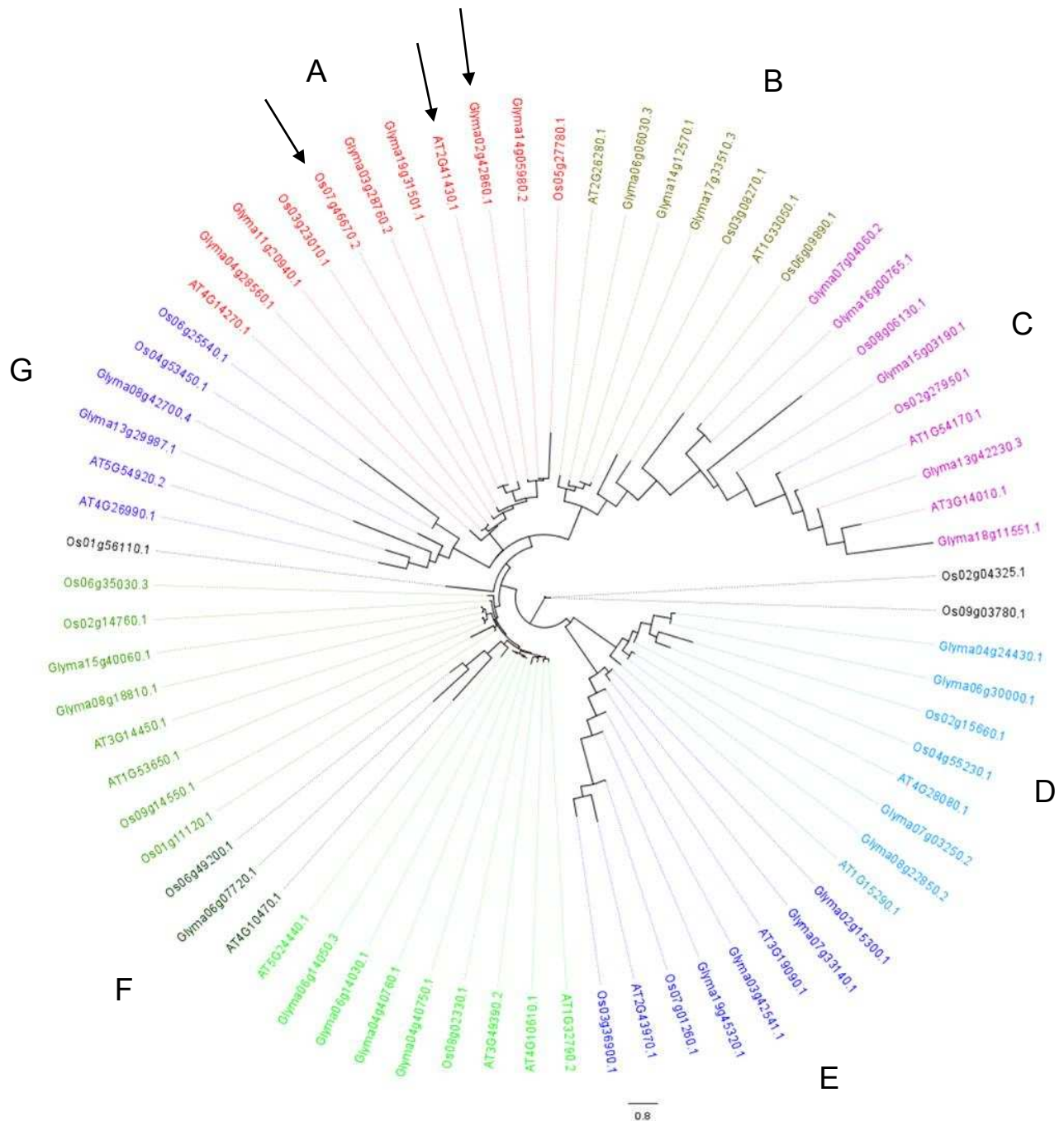


Figura 1. Análise filogenética da família PAM2-like. A árvore foi construída utilizando o método Neighbor-Joining a partir de 72 sequências de aminoácidos, recuperadas dos genomas de *Arabidopsis* (19), soja (31) e arroz (22), por conter o motivo PAM2. Sete conjuntos distintos de proteínas se agruparam, aos quais foi designada uma letra de A a G. O grupo F foi posteriormente subdividido em três subgrupos, destacados pela diferença na tonalidade de cor. Foram utilizados 10000 *bootsraps* na construção da árvore. A barra indica o valor de substituição de aminoácidos e as setas indicam as proteínas utilizadas nos estudos *in vivo*.

Os grupos identificados foram caracterizados pelos motivos e domínios conservados em suas proteínas e por sua distribuição na sequência de aminoácidos (Figura 2, Tabela S1). O grupo A, a família ERD15-like, é caracterizado pela existência de três regiões conservadas, duas delas sendo o motivo PAM2 (representado por caixas vermelhas), próximo ao N-terminal, seguido pelo motivo PAE1. Próximo ao C-terminal encontra-se o terceiro motivo conservado, IHQPR, sendo o único motivo que não está presente em todas as proteínas da subfamília: Glyma19g31501 e Glyma03g28760 não o contem, assim como Os03g23010. Além disso, a proteína Glyma03g28760 possui um domínio adicional: Vps39_2 (Vacuolar sorting protein 39 domain 2), envolvido na fusão de endossomos e outros intermediários de transporte com o vacúolo (Tabela S1). Tanto o domínio PAE1, quanto o domínio QPR estão ausentes nas bases de domínios utilizadas (www.phytozome.org e HMMER). O número de aminoácidos das proteínas da subfamília ERD15-like varia de 99 a 177.

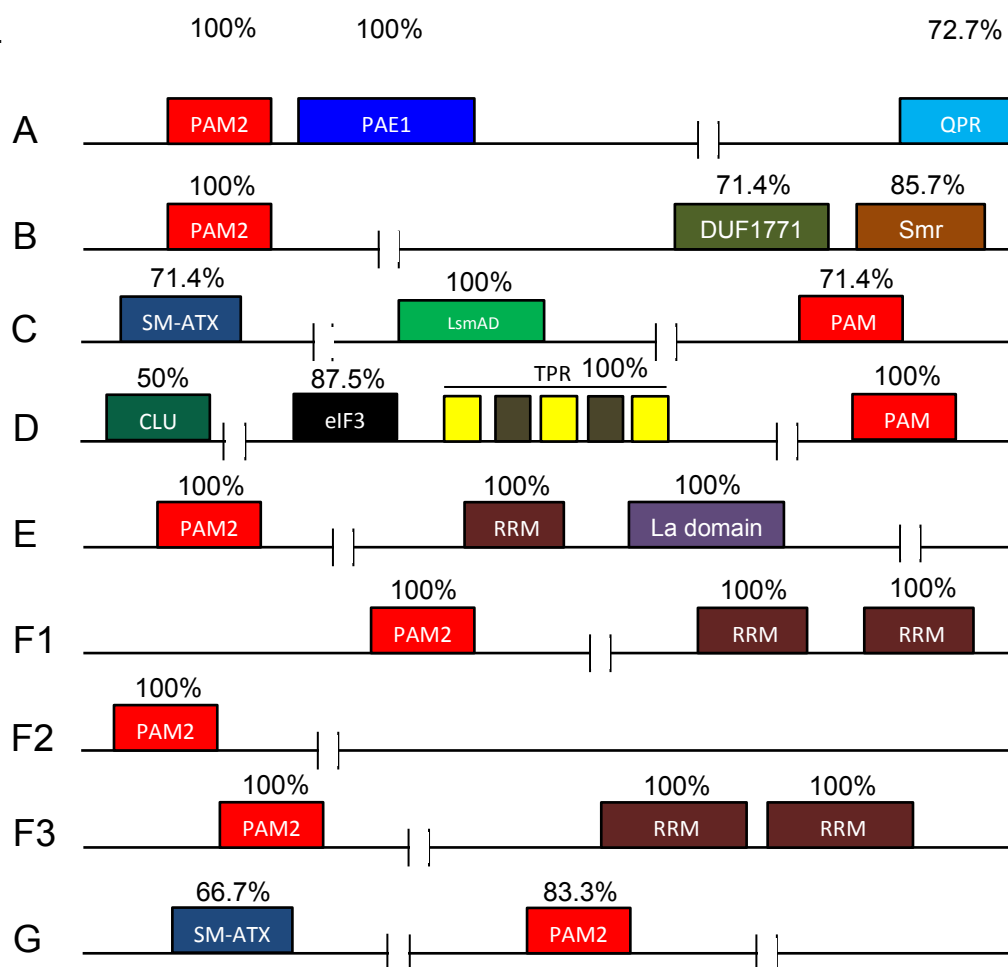


Figura 2. Organização geral dos motivos putativos identificados nos 7 grupos da superfamília PAM2-like. O grupo A é a subfamília ERD15-like, com 3 motivos conservados: PAM2, PAE1 e QPR. Os motivos foram preditos com o

software HMMER e comparados à base do Phytozome. As porcentagens indicam a proporção de proteínas que contém o domínio indicado abaixo.

As oito proteínas do grupo B são caracterizados por possuir o domínio PAM2 também no N-terminal. Adicionalmente, o domínio Smr (Small MutS-related) e outro domínio desconhecido (DUF1771) estão presentes no C-terminal. As proteínas do grupo B variam de 513 a 693 aminoácidos e estão relacionadas a função de reparo de DNA (Moreira & Philippe, 1999; Watanabe et al., 2003). As proteínas do grupo C variam de 495 a 718 aminoácidos e são caracterizadas por conter o domínio LsmAD na porção central, além do motivo PAM2 na porção C-terminal e do domínio SM-ATX na porção N-terminal. Apesar das sequências das sete proteínas do grupo C terem sido recuperadas utilizando a sequência de PAM2 como isca, o programa HMMER não conseguiu prever o motivo em 2 das 7 proteínas integrantes do grupo. As funções de arcabouço ou chaperone de oligoribonucleotídeos, assistência nas funções catalíticas de ribozimas e modificação e degradação de RNA são associadas ao domínio Lsm (Hermann et al., 1995; Kufel et al., 2003), enquanto que o domínio SM-ATX é encontrado em reguladores de expressão gênica e proteínas splicosomais snRNP (Neuwald & Koonin, 1998).

O grupo D é composto pelas maiores proteínas dentre a família PAM2-like, variando entre 813 a 1859 aminoácidos. As proteínas do grupo D possuem um alto grau de conservação na região amino e na porção central, onde encontram-se as repetições de tetratricopeptídeos (TPR) e o domínio de eIF3_p153 (Eukaryotic initiation factor 3, subunit 153), divergindo em sequência na região carboxi. As repetições TPR, são um motivo estrutural, que consiste de uma sequência degenerada de 34 aminoácidos encontrada em uma grande variedade de proteínas. Os motivos TPR são repetidos de 3-16 vezes em tandem e medeiam interações proteína-proteína (Lamb et al., 1995; Das et al., 1998; Rispal et al., 2011). O domínio de eIF3_p153 é parte de da subunidade 135 do complexo proteico eIF3, necessário para iniciação da tradução em células eucarióticas (Vornlocher et al., 1999). O domínio PAM2 encontra-se na porção C-terminal nas proteínas do grupo D. Existem ainda, o domínio CLU, na porção amino de metade das proteínas do grupo e, em dois representantes de soja (Glyma07g03250 e Glyma08g22850), o domínio Apc3, localizado entre o domínio de eIF3-p153 e as TPR. O domínio CLU (CLUstered mitochondria) é exclusivo de eucariotos e necessário para o correto funcionamento e transporte

mitocondrial, apesar de não possuir função conhecida (Zhu et al., 1997; Fields et al., 2002; Sugden et al., 2010). Por fim, o domínio Apc3 é (Anaphase-promoting complex/cyclosome, subunit 3) encontrado em proteínas que fazem parte do ciclossomo, um complexo E3 ligase multiproteico que controla segregação de cromossomos. Membros da família Apc3 contém repetições TPR que participam de interações interproteínas (Peters, 2006; Vodermaier et al., 2003).

O grupo E é constituído por proteínas que variam de 399 a 545 aminoácidos. Dois domínios estão presentes no grupo E: o domínio de reconhecimento de RNA (RRM), conhecido por sua capacidade de ligação a RNA fita simples, e o domínio Ia, que se liga a região 3'UTR e controla os processos de transcrição e tradução de RNAs específicos (Alfano et al., 2004; Kenan et al., 2004). Ambos estão localizados na porção mediana das proteínas. O motivo PAM2 encontra-se na porção N-terminal no grupo E. Adicionalmente, duas proteínas possuem domínios extras distintos. A proteína de *Arabidopsis* AT3G19090 possui em sua porção mediana o domínio MRP-S22, parte da proteína mitocondrial 22S, que constitui a subunidade menor do ribossomo, 28S, ao passo que a proteína de arroz Os07g01260 contém o domínio PTS_2-RNA em sua porção interna. O domínio PTS_2-RNA (RNA 2'-phosphotransferase, Tpt1 / KptA Family) que catalisa o último passo do splicing de tRNA em leveduras (Spinelli et al., 1999).

As proteínas do grupo F podem ser divididas em três subgrupos. O subgrupo F1, com proteínas 9 proteínas que variam de 302 a 406 aminoácidos, o subgrupo F2, composto por AT4G10470 (389 aa), Glyma06g07720 (150 aa) e Os06g49200 (185 aa) e o subgrupo, F3, com 8 proteínas, que variam de 296 a 362 aminoácidos. O subgrupo F1 é caracterizado por um motivo PAM2 localizado na porção interna das proteínas e duas ocorrências do motivo RRM próximas ao C-terminal (Kielkopf et al., 2004; Maris et al., 2005). Interessantemente, 67% das proteínas da subfamília F1 contém inserções de proteínas de vírus em suas sequências codificantes, ao que indica o software HMMER. O subgrupo F2 consiste de 3 proteínas com um domínio PAM2 N-terminal, mas que não possuem nenhum outro domínio em comum. Assim, a proteína de arroz Os06g49200 contém um domínio CUE interno, envolvido na degradação e endereçamento de proteínas (Biederer, 1997; Kang et al., 2003; Shih et al., 2003) e a proteína de *Arabidopsis* AT4G10470, que contém um

domínio RRM, assim como as proteínas da família F1. O subgrupo F3, assim como o subgrupo F1, possui um motivo PAM2 N-terminal, e dois motivos RRM no C-terminal. Há no subgrupo F3 inserções de proteínas de vírus em 37,5% nas sequências codificantes. O grupo G, com proteínas que variam de 419 a 624 aminoácidos e que possuem uma ocorrência do motivo PAM2 na porção interna da proteína e uma ocorrência do domínio SM-ATX no N-terminal. Duas das proteínas de arroz que não se agruparam, Os02g04325 e Os09g03780, contém o domínio CUE, além do motivo PAM2.

Filogenia da família ERD15-like em *Arabidopsis*, soja e arroz

A subfamília ERD15-like é caracterizada por possuir 3 motivos conservados: PAM2 e PAE1 no N-terminal e QPR no C-terminal, além de uma região ácida, possivelmente um remanescente de PAM1 (Aalto, 2012). O motivo PAE1, mais especificamente, é determinante na caracterização da proteína como membro da subfamília das ERD15-like, sendo um motivo exclusivo de plantas, de função ainda desconhecida (Aalto, 2012). Nas espécies de *Arabidopsis thaliana*, *Glicine max* e *Oryza sativa* existem 11 representantes dessa subfamília de proteínas, sendo 2, 6 e 3 o número de ERD15-like presentes em cada espécie, respectivamente. Em *Arabidopsis*, o gene AtERD15 (AT2G41430) foi o primeiro representante do grupo a ser identificado e a partir do qual se derivou o nome do subgrupo (Kiyosue et al., 1994). AtERD15 (AT2G41430) possui notações funcionais para resposta à luz de alta intensidade (GO:0009644), resposta à seca (GO:0009414), ligação a proteínas (GO:0005515), resposta a patógenos bacterianos (GO:0009617) e localização citoplasmática (GO:0005737). Em contrapartida, AtERL15 (AT4G14270), não possui notações funcionais. Os 3 genes ERD15-like de arroz possuem notações funcionais para resposta a estresse (GO:0006950), resposta a estímulos bióticos (GO:0009607), resposta a estímulos abióticos (GO:0009628), ligação a proteínas (GO:0005515) e localização citoplasmática (GO:0005737). Já os 6 genes ERD15-like de soja não possuem notação funcional (Consortium G.O., 2008).

A análise filogenética das sequências ERD15-like indica que a AtERD15 (AT2G41430) está mais proximamente relacionada às ERD15-like Glyma03g28760 e Glyma19g31501 que aos outros membros da família presentes em soja e arroz. Já o outro membro da família das ERD15-like de

Arabidopsis, a proteína AtERL15 (AT4G14270), encontra-se em um ramo isolado, mais relacionado às proteínas Os03g23010 e Os07g46670 de arroz e Glyma04g28560 e Glyma11g20940 de soja. Em um ramo separado, as proteínas Glyma02g42860 e Glyma14g05980 se agrupam com a proteína Os05g27780 (Figura 3A). A duplicação dos membros da família ERD15-like em soja fica evidente através da análise filogenética. Claramente, Glyma03g28760 agrupa-se com Glyma19g31501, adicionalmente ao fato de que ambos não possuem o motivo QPR no C-terminal, assim como Os03g23010. Glyma02g42860 agrupa-se com Glyma14g05980 e Glyma04g28560 agrupa-se com Glyma11g20940. A duplicação desses genes indica que 3 genes ERD15-like haviam divergido em soja antes da duplicação de seu genoma, levando posteriormente a existência de 6 genes ERD15-like no genoma da planta.

O alinhamento das sequências das ERD15-like de *A. thaliana*, soja e arroz revela o posicionamento dos motivos conservados na família. Próximo ao N-terminal encontra-se o domínio PAM2, iniciando a partir dos primeiros aminoácidos (6-9 aa). PAM2 caracteriza-se, entre as espécies estudadas, por conter 13 aminoácidos, sendo que uma sequência de lisina-arginina-prolina, da segunda a quinta posição dentro do motivo, seguida de uma arginina na sétima posição e uma prolina na décima segunda estão conservadas, mesmo entre plantas e humanos (Figura 3B). Em humanos, porém o motivo PAM2 tem localização próxima ao C-terminal na proteína PAIP2 (aminoácidos 109 ao 120), as primeiras proteínas a serem identificadas com domínio PAM2 (Roy et al., 2002). Nas proteínas ERD15-like, adjacente ao motivo PAM2 está o motivo PAE1 (PAM2 associated motif 1), separado por 4 aminoácidos do primeiro motivo, exceto no caso da proteína Os05g27780, que possui um espaçador maior, de 21 aminoácidos. PAE1 caracteriza-se por uma sequência de 23 aminoácidos, havendo 100% de conservação entre as espécies nos cinco primeiros aminoácidos (valina, glutamato, aspartato, fenilalanina, tirosina). Nas posições 8 e 9, dentro do motivo, há dois resíduos de triptofano conservados, seguidos de uma lisina e uma valina nas posições 11 e 12. Nas posições 20 e 22 conservam-se um resíduo de aspartato e um triptofano, respectivamente (Figura 3B). Os resíduos de glutamato, aspartato, fenilalanina, tirosina e triptofano conservados no motivo PAE1 são fortes candidatos a envolvimento em atividades enzimáticas ou de ligação (Betts & Russel, 2003).

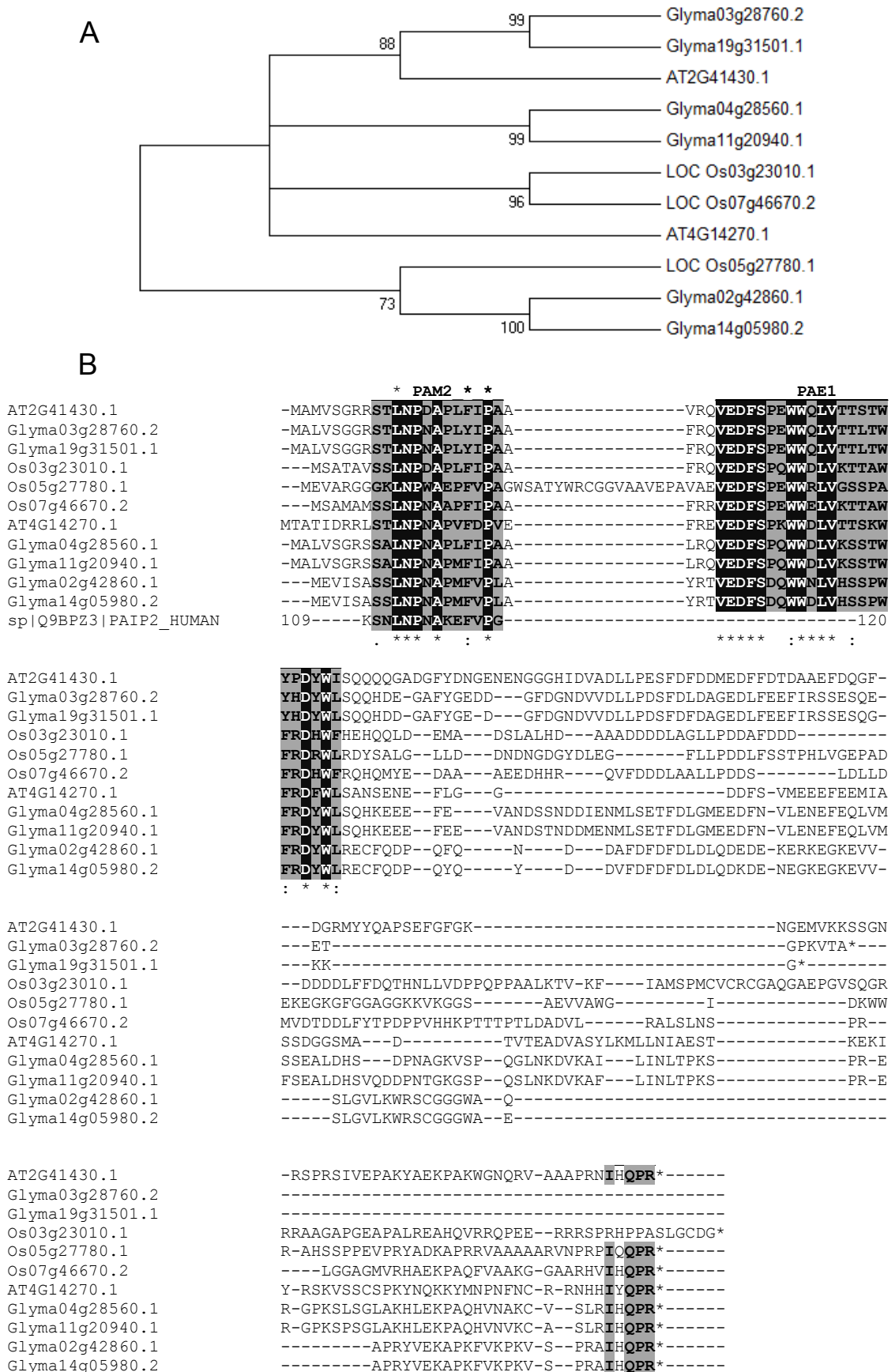


Figura 3. Análise da família ERD15-like de *Arabidopsis*, soja e arroz. **A.** Árvore filogenética construída a partir das 11 sequências identificadas como ERD15-like, por possuir os motivos PAM2 e PAE1. Foram utilizados 10000 *bootstraps*. **B.** Alinhamento das sequências de aminoácidos das 11 proteínas identificadas como ERD15-like, sendo 2 de *Arabidopsis*, 6 de soja e 3 de arroz.

Quanto à organização gênica, todos os membros da família ERD15-like estão localizados em cromossomos distintos, tanto em *Arabidopsis*, como em soja ou arroz, não havendo agrupamento em 'clusters'. A descrição da organização interna dos genes está compilada na Tabela 4. Somente Os05g27780 não possui íntrons, o que, somado à análise filogenética e à análise de sequência, coloca Os05g27780 como membro mais divergente dentre os membros de *Arabidopsis*, soja e arroz da família ERD15-like. Contudo, Os05g27780 é filogeneticamente mais relacionado a Glyma02g42860 e Glyma14g05980, agrupando-se a estes num ramo separado das demais ERD15-like analisadas. Diferentemente das demais cópias de genes ERD15-like presentes em soja, que apresentam organização de íntrons semelhante, Glyma03g28760 e Glyma19g31501 possuem um íntron na região CDS e um na região 5'UTR, cada, respectivamente, além de um número de aminoácidos total mais divergente do que entre as demais cópias (105 aa e 99 aa, respectivamente). Aparentemente, essas duas cópias de genes ERD15-like em soja são as mais divergentes entre si e entre as demais. Filogeneticamente, Glyma03g28760 e Glyma19g31501 estão mais relacionadas a AtERD15 (AT2G41430), enquanto que AtERL15 (AT4G14270), a outra proteína ERD15-like de *Arabidopsis*, relaciona-se com Os03g23010 e Os07g46670. A proteína de soja Glyma02g42860, que foi anteriormente identificada por atuar como ativador transcricional na via das NRPs (Alves, 2011), é filogeneticamente mais relacionada a AtERL15 (AT4G14270) do que a AtERD15 (AT2G41430) de *Arabidopsis*.

Tabela 4					
Características dos membros da família ERD15-like de <i>Arabidopsis</i>, soja e arroz					
ID	Nº de íntrons	Tamanho do íntron (pb)	Formas de splicing	Nº de aa	QPR
AT2G41430	2	1º: 229 (5'UTR); 2º: 87 (CDS)	5	163	Sim
AT4G14270	2	1º: 76 (5'UTR); 2º: 89 (CDS)	2	143	Sim
Glyma02g42860	1	88 (CDS)	1	125	Sim
Glyma14g05980	1	86 (CDS)	1	125	Sim
Glyma04g28560	2	1º: 1259 (5'UTR); 2º: 367 (CDS)	2	166	Sim
Glyma11g20940	2	1º: 1192 (5'UTR); 2º: 419 (CDS)	2	170	Sim
Glyma03g28760	1	135 (CDS)	2	105	Não
Glyma19g31501	1	805 (5'UTR)	1	99	Não
Os07g46670	1	119 (5'UTR)	2	154	Sim
Os03g23010	2	1º: 218 (5'UTR); 2º: 71 (CDS)	5	177	Não
Os05g27780	Nenhum	-	1	173	Sim

Perfil de expressão em resposta à seca dos genes ERD15-like de *Arabidopsis thaliana* e *Glicine max*

O gene ERD15 (AT2G41430) de *Arabidopsis thaliana* foi originalmente descrito na literatura por sua rápida resposta ao estresse hídrico (Kiyosue et al., 1994). A análise da expressão de AtERD15, assim como de seu parálogo AtERL15 (AT4G14270), em microarranjo de plantas de *A. thaliana* sob estresse hídrico (Harb et al., 2010) indica que tanto AtERD15 como AtERL15 são responsivos à seca, apesar de terem se agrupado com conjuntos diferentes de genes (Figura 4, Tabela S2). Interessantemente, AtERD15 e AtERL15 estão mais expressos tanto no tratamento por seca progressiva (pDr), como no décimo dia de tratamento por seca moderada (mDr 10d). No primeiro dia de estresse moderado (mDr 1d), contudo, tanto AtERD15 como AtERL15 foram levemente induzidos (Tabela S2). O tratamento por seca progressiva (pDr) provoca um nível de estresse muito mais severo, confirmado pela indução de genes marcadores relacionados à senescência e morte celular programada (PCD), como VPEs (AT2G25940 e AT2G32940), citocromos P450 (AT3G14610, AT3G14690 e AT3G14620) e NRPs (AT5G42050 e AT3G27090), o que não ocorre com a mesma intensidade na adaptação à seca moderada (fmDr10). Consistente com esta observação, a indução dos genes ERD15-like de *Arabidopsis* é mais atenuada sob estresse moderado; porém, intensifica sob condições de estresse progressivo (Figura 4, Tabela S2). Isso poderia ser evidência de um papel duplo das ERD15-like de *Arabidopsis*, podendo levar tanto a adaptação ao estresse como à indução de senescência e PCD, dependendo do nível do estímulo.

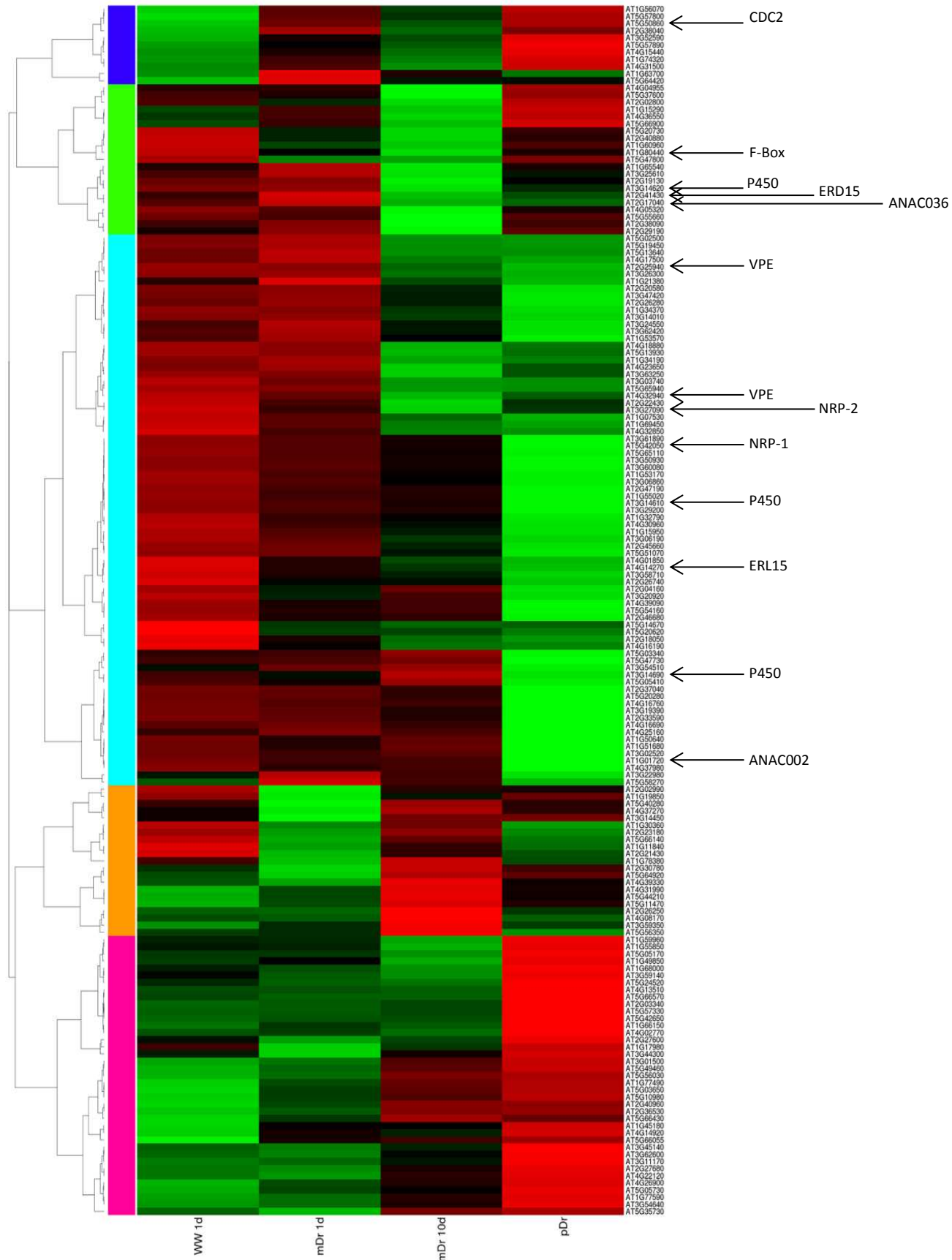


Figura 4. Perfil de resposta à seca em folhas de *Arabidopsis*. O heatmap representa a expressão relativa de 169 genes em plantas *wild type*, controle (WW 1d), sob seca moderada (mDr) 1d e 10d e sob seca progressiva (pDr) (Harb et al., 2010).

O perfil da expressão de genes ERD15-like em resposta à seca também foi avaliado em soja (Carvalho et al., 2013). Os transcritos dos genes ERD15-like Glyma11g20940 e Glyma04g28560 seguem o mesmo padrão de indução, agrupando-se com um conjunto de genes que são primeiramente induzidos até o potencial hídrico 1.7 e têm sua expressão ligeiramente reduzida no potencial hídrico 2.0 (Figura 5, Tabela S3). Em contrapartida, os genes ERD15-like Glyma14g05980 e Glyma02g42860, sendo o segundo identificado pela capacidade de ligação e indução do promotor de NRP-B (Alves et al., 2011a), agrupam-se com um conjunto maior de genes que é progressivamente induzido pelo aumento do potencial hídrico (Figura 5, Tabela S3). Os genes ERD15-like Glyma03g28760 e Glyma19g31501 não possuíam 'spots' nos dados do arranjo utilizado e por essa razão não estão representados no 'heatmap'. A observação de um padrão de indução diferente entre as proteínas ERD15-like de soja pode indicar uma possível divergência funcional entre os membros da família.

O padrão de resposta à seca exibido pelos genes AT2G41430 e AT4G14270 de *Arabidopsis* se assemelha aos genes Glyma02g42860 e Glyma14g05980 de soja, apesar de sua maior proximidade filogenética com Glyma04g28560 e Glyma11g20940 (Figura 3A). O perfil de expressão dos genes ERD15-like de soja foi analisado em folhas submetidas a estresse progressivo. Uma análise comparativa de estresse progressivo foi conduzida utilizando resultados de micro arranjo de flores de *Arabidopsis* estressadas por 10 dias com múltiplas análises intermediárias (Su et al., 2013). Nestas condições os genes AT2G41430 e AT4G14270 exibem um perfil de indução que se agrupa a um conjunto de genes que é progressivamente induzido pela seca (Figure S1, Tabela S5), mimetizando o padrão de indução dos genes ERD15-like de soja, Glyma02g42860 e Glyma14g05980, observado em folhas de soja expostas à seca progressiva (Figura 5).

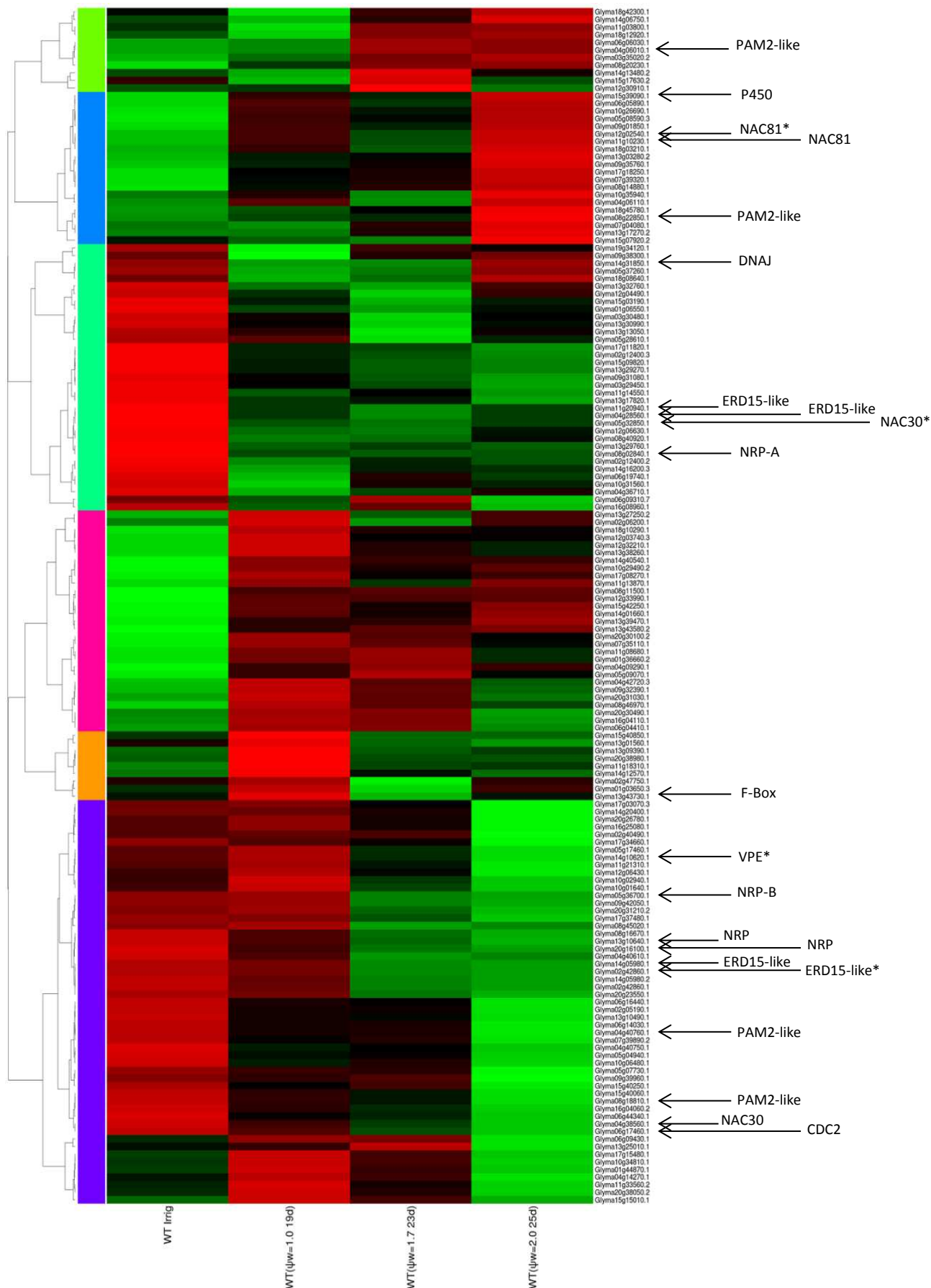


Figura 5. Perfil de resposta à seca em folhas de soja. O heatmap representa a expressão relativa de 157 genes em plantas WT, controle irrigado (WT Irrig) e em 3 potencias hídricos diferentes: $\psi W = 1.0$ (19d), $\psi W = 1.7$ (23d) e $\psi W = 2.0$ (25d) (Carvalho et al., 2013). Os genes identificados por sua participação na via mediada pelas NRPs foram marcados com asterisco.

Influência de membros da família ERD15-like sobre parâmetros fenotípicos e fisiológicos em *Arabidopsis*

O papel de genes ERD15-like de *Arabidopsis* (AT2G41430), de soja (Glyma02g42860) e de arroz (Os07g46670) foi investigado através de sua influência em linhagens transformantes de *Arabidopsis*. A linhagem Columbia com uma inserção de T-DNA no promotor de AtERD15 (AT2G41430), denominada Salk_073116, foi selecionada para os estudos posteriores (Figura 6A). A inserção de T-DNA foi confirmada por PCR convencional com primers específicos (Tabela 1) em diversas plantas e o nível de expressão de AtERD15 foi comparado entre as plantas selvagens e plantas mutantes, sendo utilizadas 6 réplicas biológicas e 3 técnicas para cada condição (Figura 6B).

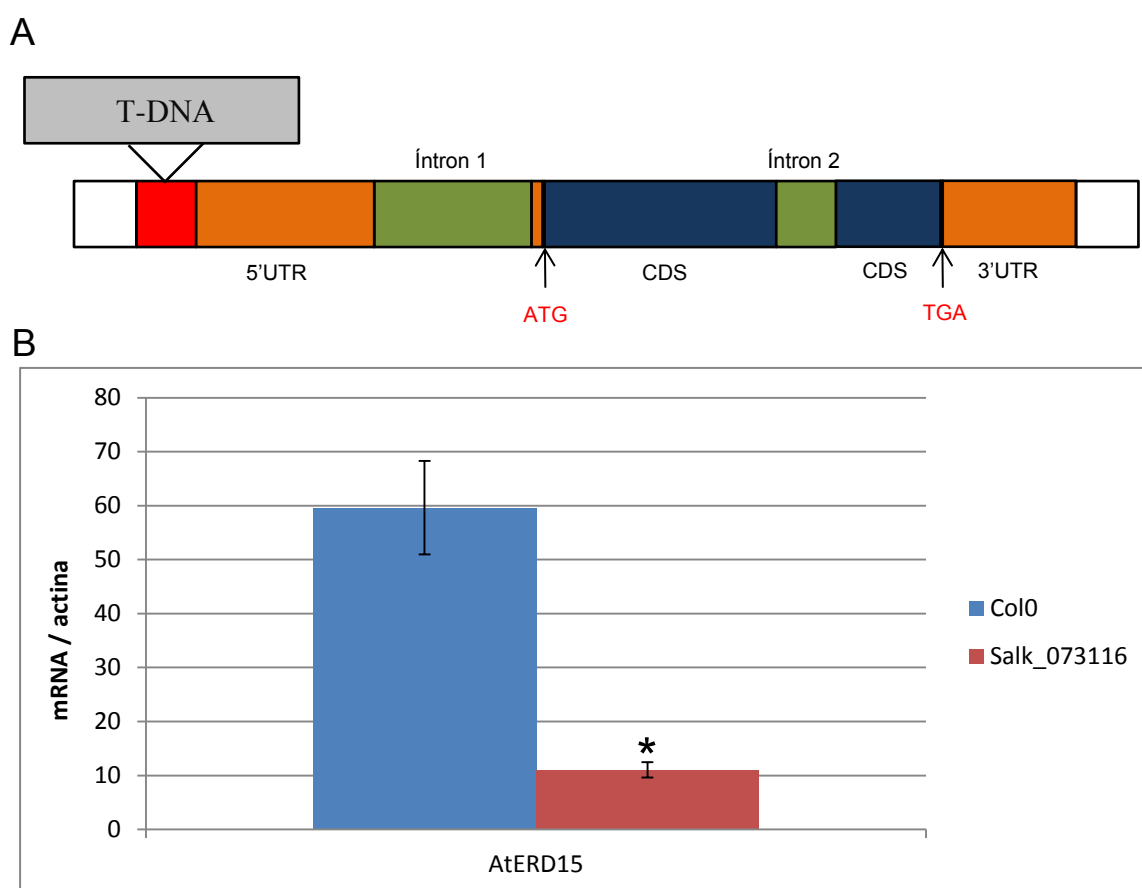


Figura 6. Caracterização do mutante *knockdown* para AtERD15 (AT2G41430). **A.** Diagrama representando o gene ERD15 de *Arabidopsis* e o local de inserção do T-DNA no *knockdown* Salk_073116, obtido do Salk Institute. **B.** Avaliação de nível de expressão de AtERD15 das plantas *knockdown* (Salk_073116) em relação as plantas selvagens (Col0). As barras finas indicam o intervalo de confiança e o asterisco indica diferenças estatística pelo teste de Student, ao nível de significância de 5%.

O nível de expressão do gene ERD15-like (Glyma02g42860) de soja, em resposta a estresse induzido por TUN e PEG, foi previamente descrito por Alves et al. (2011). Em contraste com os níveis observados em plantas de *Arabidopsis* para o gene AtERD15 (AT2G41430), os níveis observados anteriormente para GmERD15-like foram muito reduzidos, o que pode indicar uma superestimação dos níveis reais encontrados em *Arabidopsis*.

Uma vez confirmadas por PCR com primers específicos (Figura 7), as plantas *knockdown* foram transformadas com os genes ERD15-like de *Arabidopsis*, de soja e de arroz. As plantas transformantes foram selecionadas em meio com higromicina até a obtenção de homozigose para as transformações, que foram confirmadas por PCR convencional com primers específicos. De maneira análoga, foi obtida a linhagem superexpressando AtERD15 (AT2G41430), a partir de plantas selvagens (Columbia).

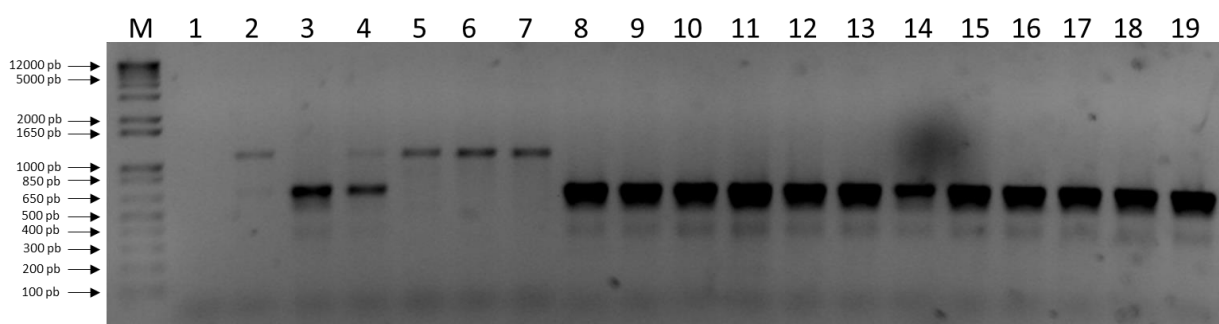


Figura 7. Gel de confirmação da inserção de T-DNA na região promotora do gene AtERD15 (AT2G41430) nas plantas *knockdown*. A legenda das canaletas representa: M- marcador de peso molecular; 1- Controle negativo; 2- Controle positivo de planta Col0; 3- Controle positivo de planta Salk; 4-7- Plantas Col0; 8-19- Plantas Salk.

Considerando-se que ERD15 é induzido por estresse osmótico, foi inicialmente avaliado o efeito de PEG no crescimento de raízes em linhagens com níveis aumentados e suprimidos de ERD15 (AT2G41430). Plantas previamente germinadas em meio MS ½ força foram transferidas para novas placas contendo meio MS ½ força, sem aditivos e suplementados com PEG 0,5%. Foram feitas 3 placas do controle e 3 placas do tratamento e cada linhagem foi representada por 3 plantas em cada placa. Tratamento com PEG inibiu o crescimento de raízes das linhagens Col0, Col0 At e Salk At (Figura 8). Entretanto, a redução no crescimento da raiz não é observada nas plantas *knockdown* para o gene de AtERD15, nem nas linhagens transformadas com

os genes GmERD15-like e OsERD15 (Figura 8). Estes resultados implicam o envolvimento de AtERD15 na resposta a estresse osmótico, uma vez que sua presença leva a redução do crescimento da raiz induzido por PEG. Em contraste, overexpressão dos genes ERD15-like de soja (Glyma02g42860) e de arroz (Os07g46670) nas linhagens *knockdown* de *Arabidopsis* não reverteu o fenótipo de maior suscetibilidade a PEG, indicando divergência funcional entre os referidos genes. Precedentes na literatura também indicam divergência funcional da família ERD15-like. De fato, ERD15 de *Solanum pennellii* confere tolerância a estresse osmótico e sua superexpressão promove o crescimento da raiz na ocorrência do estresse (Ziaf et al., 2011). Estas diferenças podem ser atribuídas a divergência de sequência dos membros da referida família. As ERD15-like de *Arabidopsis* (AtERD15) e de *S. pennellii* (SpERD15) compartilham apenas 38% de similaridade, enquanto que 90% da sequência de SpERD15 é similar à de um membro da família ERD15-like de tabaco (Ziaf et al.,2011).

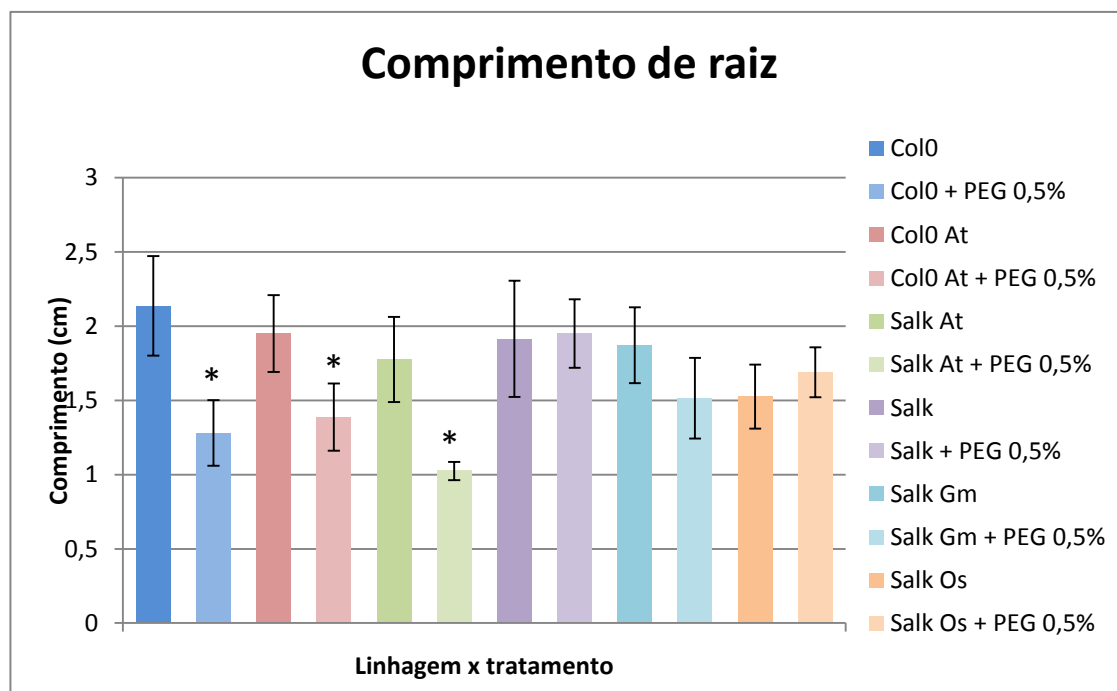


Figura 8. Ensaio de comprimento de raiz com plantas de *Arabidopsis* selvagens (Col0), knockdown para AtERD15 (AT2G41430) (Salk), superexpressando AtERD15 (Col0 At) e complementadas com AtERD15 (Salk At), GmERD15-like (Glyma02g42860) (Salk Gm) e OsERD15 (Os07g46670) (Salk Os). As plantas foram cultivadas em MS e MS complementado com PEG 0,5%. As barras finas representam o desvio padrão. Asteriscos indicam diferença estatística pelo teste de Student, a 5% de significância.

A capacidade de germinação das sementes das 5 linhagens foi avaliada em relação ao controle na presença do fito hormônio ABA (ácido abscísico) (Figura 9). Na ausência de ABA, houve 100% de germinação, tanto no grupo controle, como em todas as 5 linhagens analisadas. Em contrapartida, a presença de ABA causou alteração na taxa de germinação das linhagens selvagem (Col0) e da planta *knockdown* (Salk), que apresentaram uma porcentagem de sementes germinadas muito baixa (4,8% e 6,3%, respectivamente). Em contraste, a superexpressão de AtERD15 levou a uma maior taxa de germinação na presença do hormônio (86%). Estes resultados estão consistentes com aqueles descritos por Kariola et al. (2006), reforçando o papel de AtERD15 como uma antagonista da via de sinalização de ABA em *Arabidopsis*. A linhagem de complementação de função exibiu, contudo, uma porcentagem de germinação também elevada (62,6%). Uma provável razão para a diferença na taxa de germinação entre a linhagem selvagem e a linhagem de complementação poderia estar no controle da expressão de AtERD15. Diferentemente da linhagem selvagem (Col0), onde o gene está sob controle de seu próprio promotor, a linhagem de complementação para AtERD15 (Salk At) tem o gene sob controle do promotor de 35S (CaMV). A linhagem de complementação com o gene ERD15 de arroz (OsERD15) exibiu aproximadamente a mesma taxa observada para Col0 e Salk (7,8%). Ao passo que, a linhagem Salk Gm, complementada com o gene de soja, apresentou uma porcentagem de germinação um pouco mais elevada, 22,1%. Estes resultados indicam que o gene GmERD15-like (Glyma02g42860) complementa parcialmente a função do gene AtERD15 (AT2G41430) durante germinação na presença de ABA.

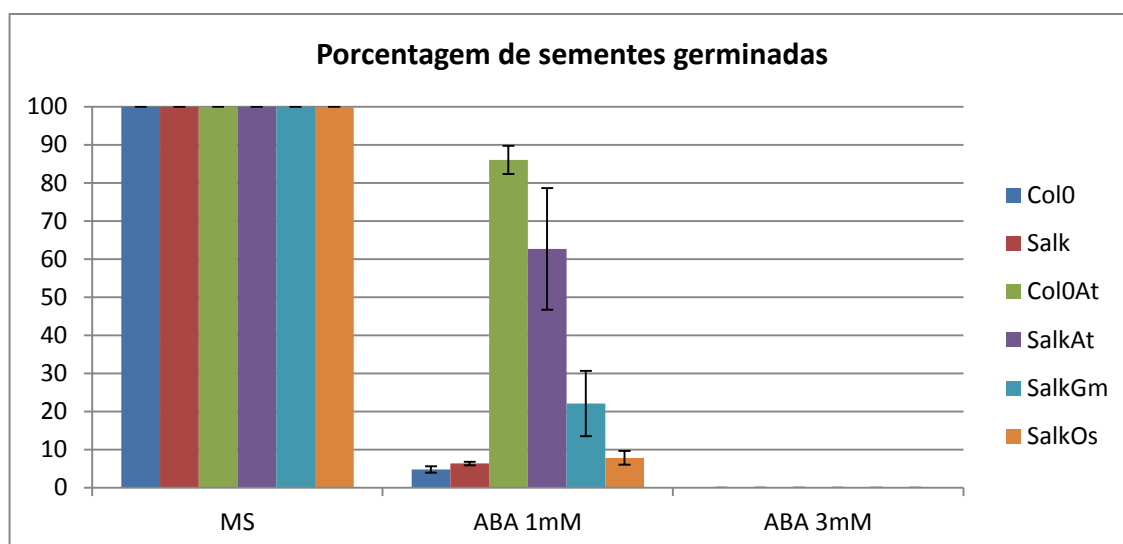


Figura 9. Avaliação da capacidade de germinação das linhagens plantas de *Arabidopsis* selvagens (Col0), *knockdown* para AtERD15 (AT2G41430) (Salk), superexpressando AtERD15 (Col0 At) e complementadas com AtERD15 (Salk At), GmERD15-like (Glyma02g42860) (Salk Gm) e OsERD15 (Os07g46670) (Salk Os) em meio contendo o fito hormônio ABA (ácido abscísico).

Adicionalmente, foi realizado um estudo para determinação do índice de velocidade de florescimento e de morte das linhagens mutantes e do controle selvagem, adaptados a partir do índice de velocidade de germinação (Ranal & Santana, 2006). Um valor maior para o índice indica um florescimento mais precoce, no caso do índice de florescimento, ou uma menor tolerância à seca, no caso do índice de morte. Quanto ao índice de florescimento, foi observado que há variação entre as linhagens, mesmo sob condições normais de crescimento (Figura 10A). A linhagem Col0 At, superexpressando AtERD15, tem um índice de florescimento menor que as demais, indicando uma possível correlação negativa entre a superexpressão de AtERD15 e o florescimento das plantas de *Arabidopsis*. Porém, a redução na expressão de AtERD15 (Salk) não levou a um aumento do índice de florescimento no grupo controle. As linhagens *knockdown* e de complementação com AtERD15 e OsERD15 apresentaram aproximadamente os mesmos índices. A linhagem complementada com o gene ERD15-like de soja (Salk Gm), contudo, tem um índice de florescimento maior, sob irrigação normal. A porcentagem de plantas que emitiu pendão no grupo controle foi de 70% de Col0, 60% de Salk, 40% de Col0 At, 80% de Salk At, 90% de Salk Gm e 60% de Salk Os.

No grupo tratamento, a tendência de uma menor taxa de florescimento foi novamente observada na linhagem superexpressando AtERD15 (Col0 At).

Consistentemente, a linhagem *knockdown* (Salk) exibiu um índice de florescimento maior do que o apresentado pela linhagem selvagem, indicando uma tendência de florescimento precoce nessas plantas. As demais linhagens apresentaram relativamente a mesma taxa de florescimento sob o estresse causado pela seca, sendo próximas das plantas selvagens (Figura 10B). Sob o tratamento de seca, houve 60% de florescimento na linhagem Col0, 73% em Salk, 45% em Col0At, 64% em SalkAt, 54% em SalkGm e 51% em SalkOs. Apesar de apresentarem índices de florescimento próximos, SalkGm e SalkOs apresentaram uma porcentagem de florescimento menor que a exibida pelas plantas selvagens e pela complementação com AtERD15.

Por fim, o índice de morte foi calculado somente para as plantas sob tratamento de seca, uma vez que não houve mortes no grupo controle. Foi observado um índice de morte mais elevado na linhagem superexpressando AtERD15 e uma redução do índice na linhagem *knockdown* para o gene, com relação a planta selvagem (Figura 10C). Isso poderia ser evidência de que AtERD15 estaria induzindo a morte celular na ocorrência de seca prolongada, possivelmente pela via das NRPs. A complementação com AtERD15, porém, não restaurou o fenótipo selvagem, enquanto que a complementação com o gene OsERD15 levou a um pequeno aumento no índice de morte e a complementação com GmERD15-like levou a uma redução do índice, apontando para uma possível tolerância à seca mediada por GmERD15-like em *Arabidopsis*. Entretanto, torna-se necessário avaliar o nível de expressão do transgene nas linhagens transformadas a fim de que conclusões quanto à função possam ser derivadas desses resultados.

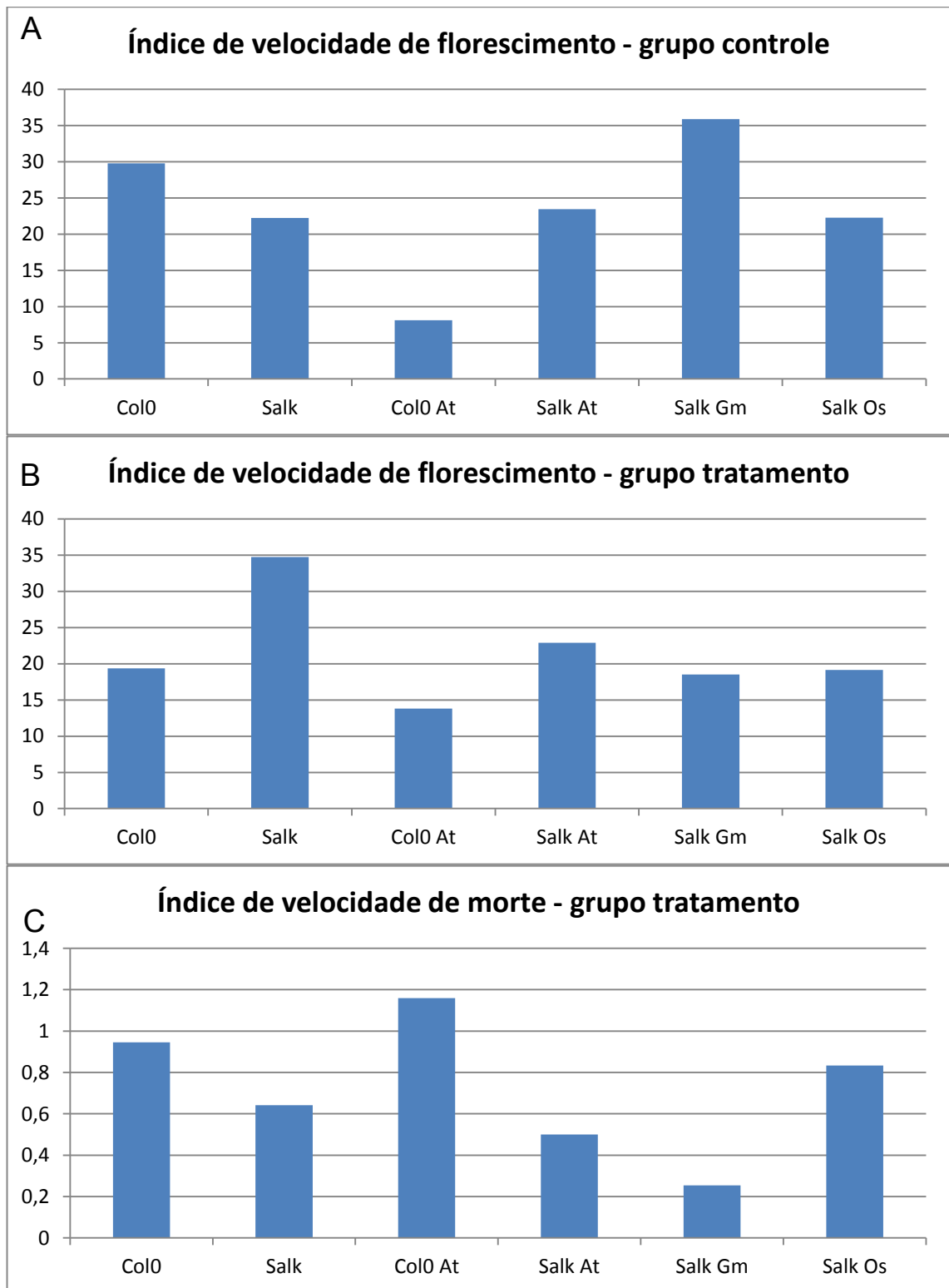


Figura 10. Determinação dos índices de velocidade de florescimento (**A** – controle irrigado e **B** – estresse por seca) e de morte (**C**) nas linhagens de *Arabidopsis* selvagem (Col0), knockdown (Salk), superexpressando AtERD15 (AT2G41430) (Col0 At) e de complementação de função com AtERD15 (Salk At), GmERD15-like (Glyma02g42860) (Salk Gm) e OsERD15 (Os07g46670) (Salk Os). Os índices foram determinados sob irrigação normal (grupo controle) e sob suspensão total da irrigação (grupo tratamento). O índice de morte para o grupo tratamento foi igual a 0.

Localização subcelular de membros da família ERD15-like

As linhagens de complementação de função anteriormente obtidas a partir do *knockdown* (Salk At, Salk Gm e Salk Os) foram utilizadas na visualização da localização subcelular dos 3 membros da família ERD15-like, AtERD15 (AT2G41430), GmERD15-like (Glyma02g42860) e OsERD15 (Os07g46670). Como as proteínas foram inseridas no vetor pYFP, as ERD15-like foram expressas fusionadas à proteína fluorescente YFP em seu N-terminal. Sementes das três linhagens foram plaqueadas em meio MS ½ força, sem aditivos e em meio complementado com PEG 0,5%, e levadas ao microscópio confocal com duas semanas pós-semeadura. Em condições normais de crescimento, a fluorescência emitida pela proteína recombinante concentrou no citoplasma com total exclusão nuclear nas três linhagens examinadas (Figuras 11A, 12A e 13A). A adição de PEG ao meio, e consequente indução de estresse osmótico, leva, porém, a uma alteração no padrão de fluorescência da proteína recombinante (Figuras 11B, 12B e 13B). Embora a fluorescência continuasse concentrada no citoplasma, observou-se um acúmulo acentuado ao redor do núcleo celular. Uma fina região mais intensa próxima ao núcleo se forma nas linhagens Salk At e Salk Gm, expressando AtERD15 (AT2G41430) e GmERD15-like (Glyma02g42860) (Figura 10A e B). Em contraste, a linhagem Salk Os, expressando OsERD15 (Os07g46670) exibiu um padrão de fluorescência adicional, em que, em algumas células, a fluorescência se acumulou no núcleo celular, indicando uma possível translocação de OsERD15 para o núcleo na ocorrência de estresse e sob condições de estresse osmótico (Figura 11 C).

Salk_073116 AtERD15

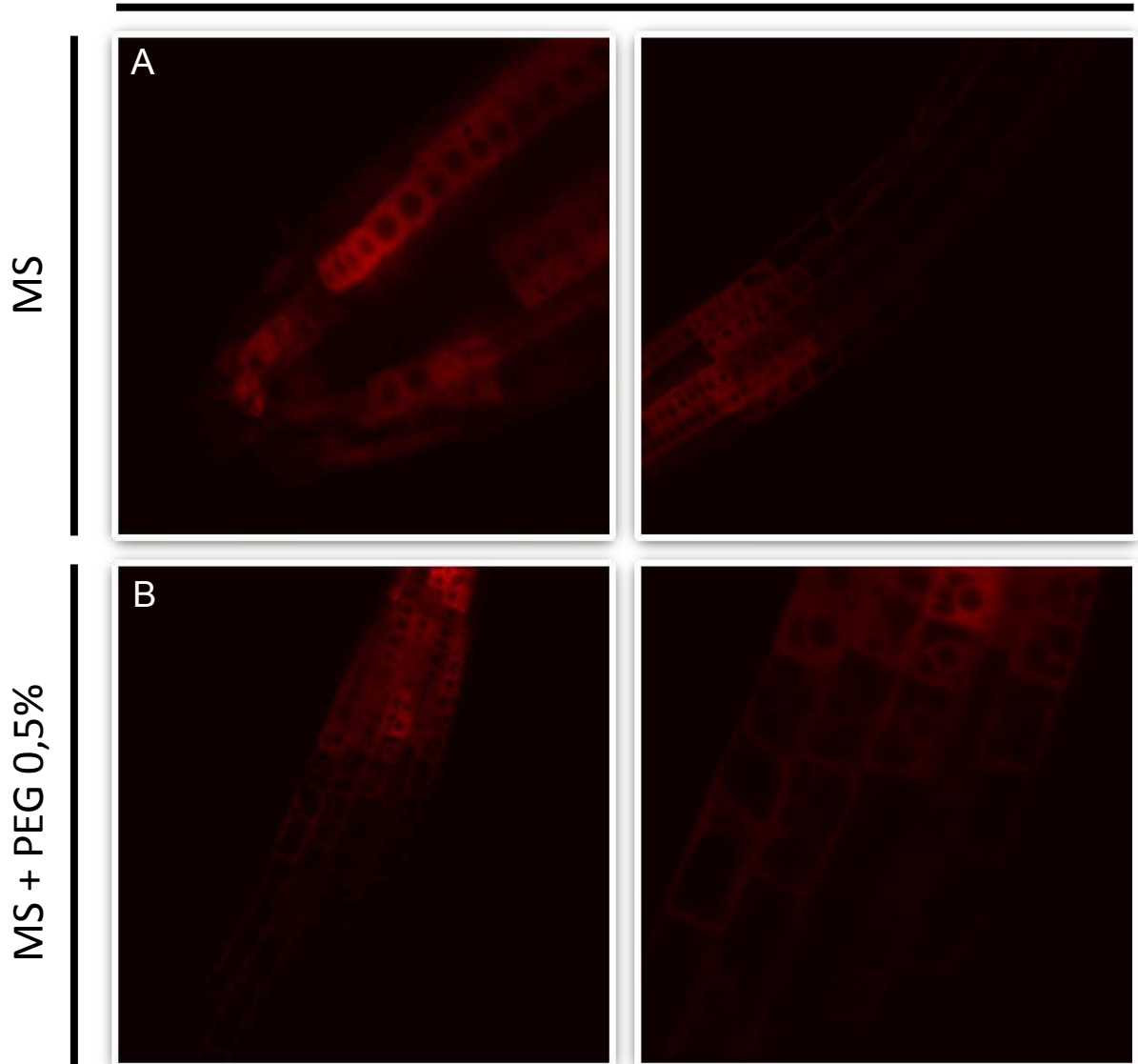


Figura 11. Localização subcelular de AtERD15 (AT2G42860) em expressão estável. Plantas de *Arabidopsis* knockdown para AtERD15 transformadas com a construção 35S::YFP::AtERD15 via *Agrobacterium* foram germinadas em meio MS (A) e meio MS complementado com PEG 0,5% (B).

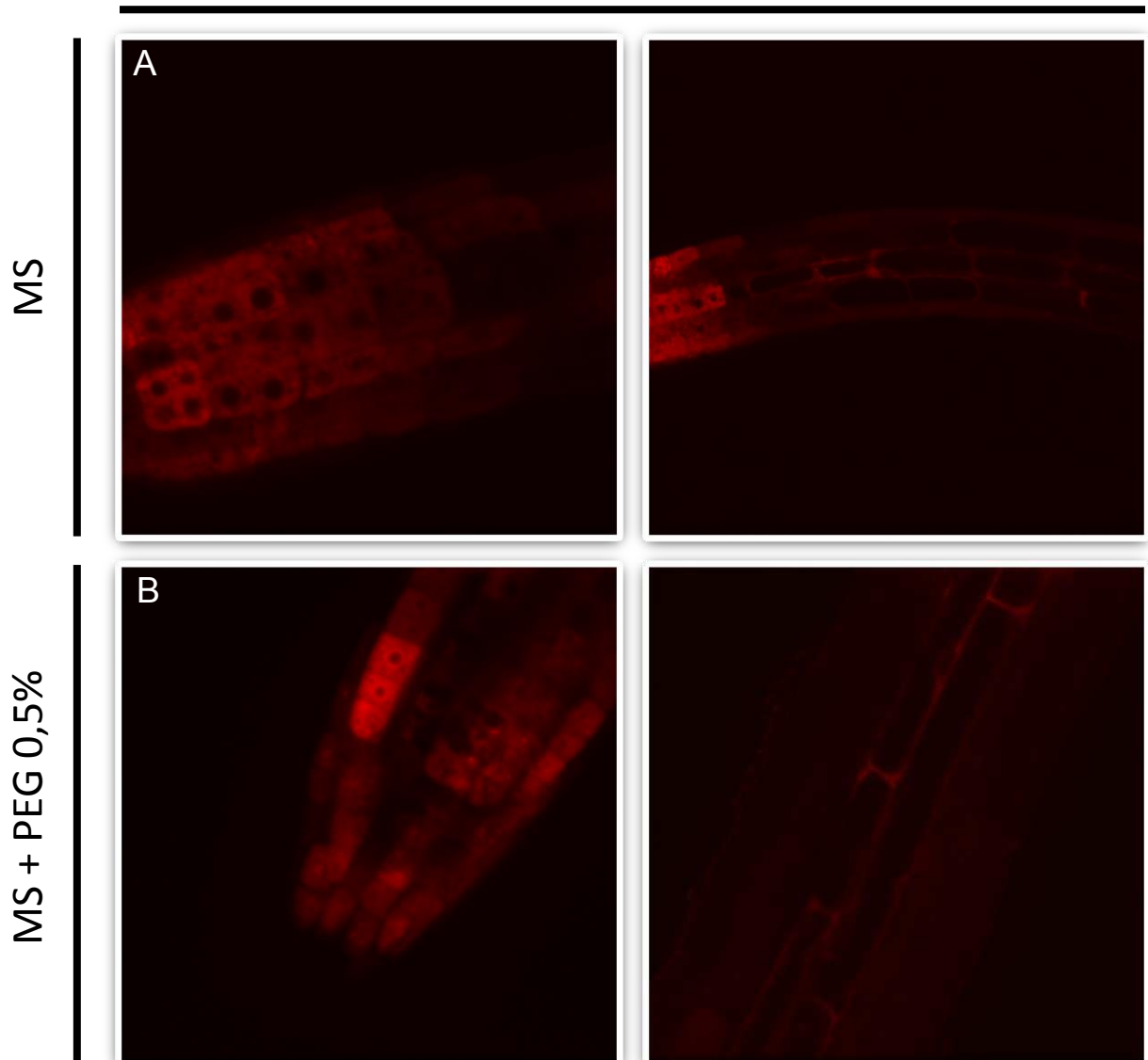


Figura 12. Localização subcelular de GmERD15-like (Glyma02g42860) em expressão estável. Plantas de *Arabidopsis* knockdown para AtERD15 transformadas com a construção 35S::YFP::GmERD15 via *Agrobacterium* foram germinadas em meio MS (A) e meio MS complementado com PEG 0,5% (B).

Salk_073116 OsERD15

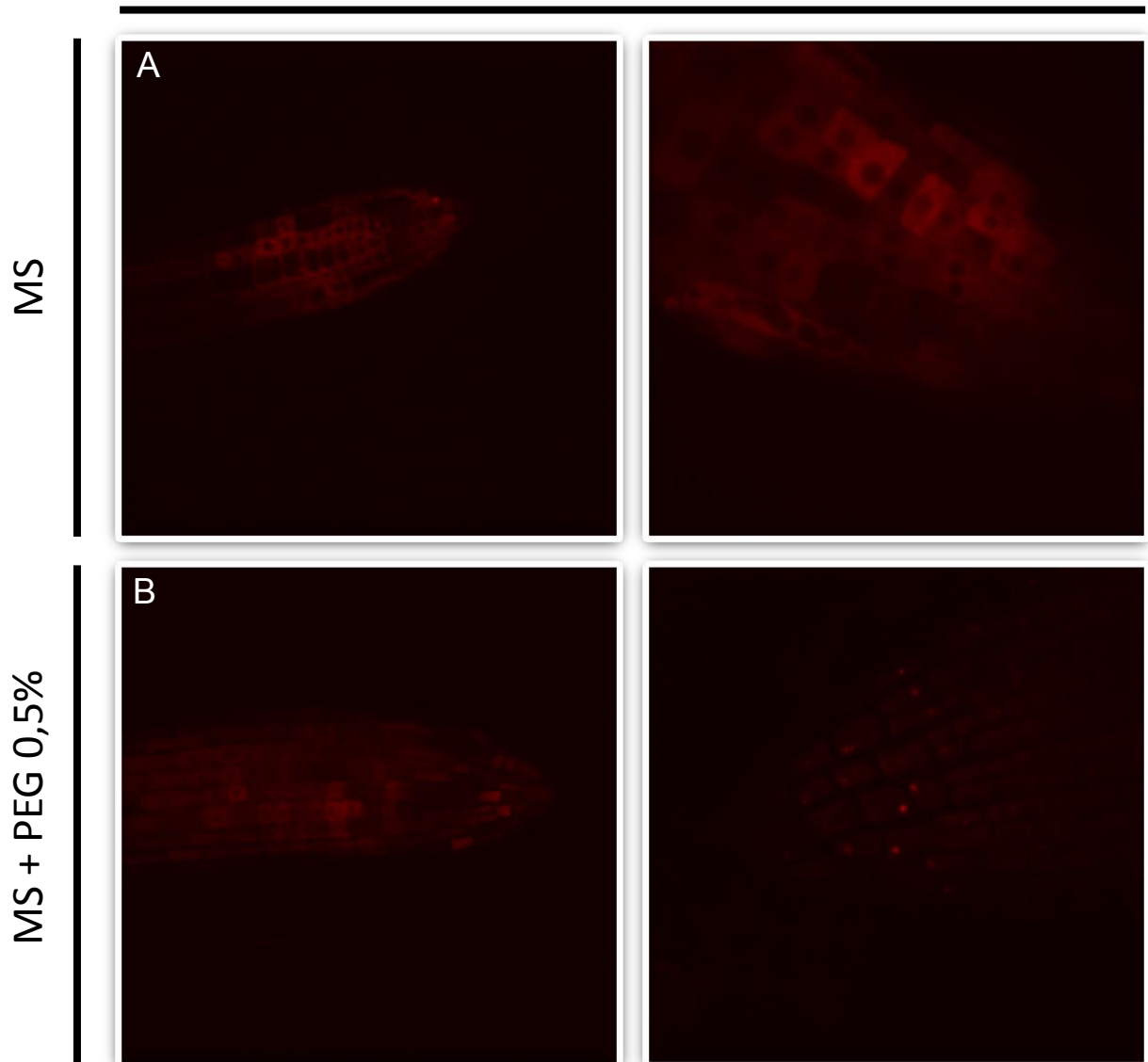


Figura 13. Localização subcelular de OsERD15 (Os07g46670) em expressão estável. Plantas de *Arabidopsis* knockdown para AtERD15 transformadas com a construção 35S::YFP::OsERD15 via *Agrobacterium* foram germinadas em meio MS (**A**) e meio MS complementado com PEG 0,5% (**B**).

Na expressão transiente em tabaco, há a exibição de um padrão diferente do observado em expressão estável em *Arabidopsis*. A localização subcelular tanto de AtERD15, como GmER15-like e OsERD15 é predominantemente nuclear, com exclusão do nucléolo, havendo também fluorescência próxima às paredes celulares (Figura 14). Como na expressão transiente são observadas células mais velhas, a localização citoplasmática periférica da proteína é devida a expansão do vacúolo. Assim também foi observada a localização nuclear da proteína SpERD15, quando

transientemente expressa em protoplastos de tabaco SpERD15 (Ziaf et al., 2011).

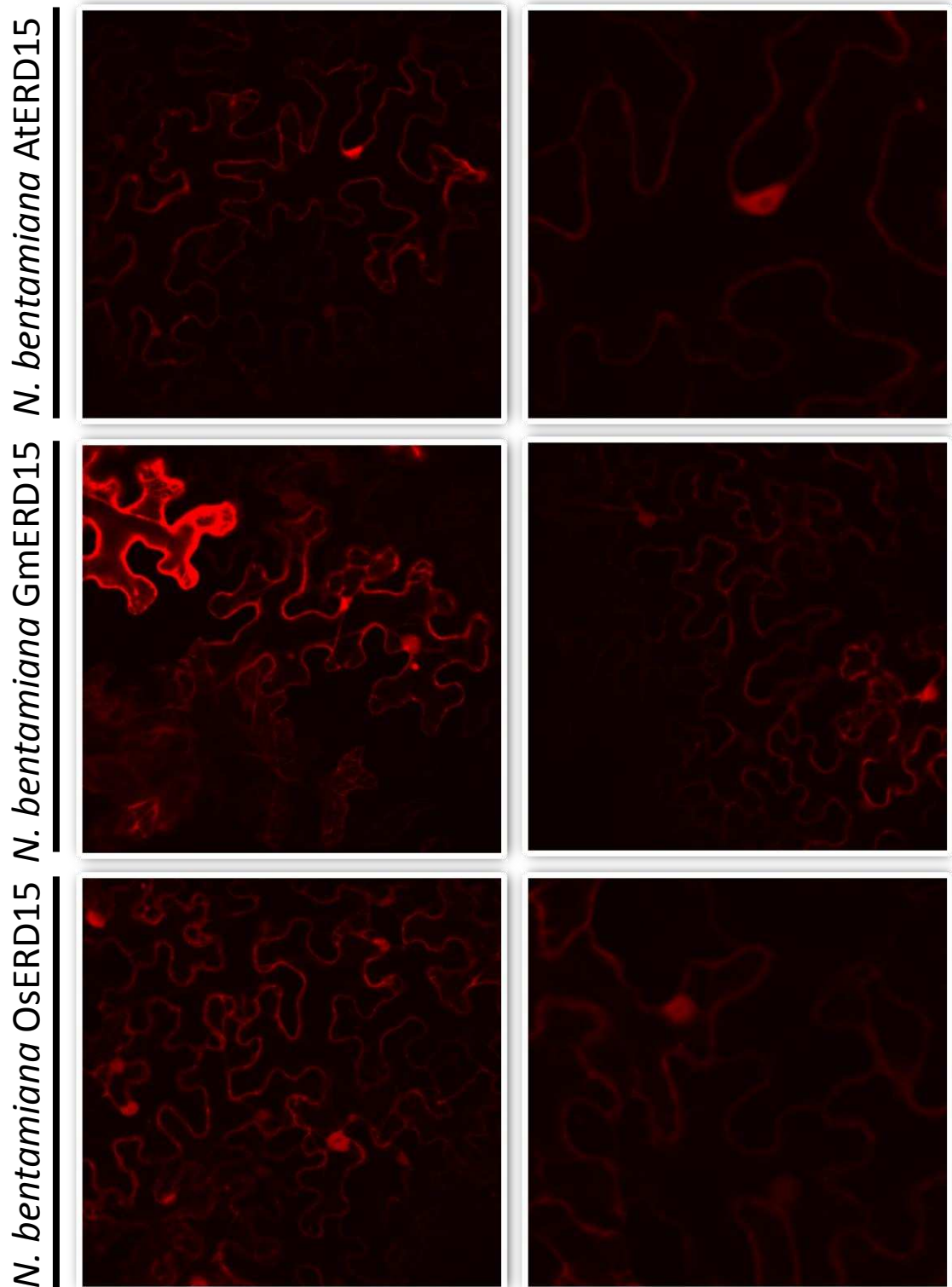


Figura 14. Localização subcelular de AtERD15 (AT2G42860), GmERD15-like (Glyma02g42860) e OsERD15 (Os07g46670) em expressão transiente. Plantas de tabaco (*Nicotiana benthamiana*) foram transformadas com as construções 35S::YFP::AtERD15, 35S::YFP::GmERD15 e 35S::YFP::OsERD15 via *Agrobacterium*.

GmERD-like (Glyma02g42860) como modulador transcricional

De modo a reforçar a evidência de interação entre GmERD15-like com os promotores de CDC2, DNAJ e Kelch/F-Box foi realizado um monohíbrido com GmERD15-like clonado no vetor de expressão em leveduras pDEST22 e os promotores clonados no vetor pHIS2.1. O vetor pDEST22 contém o domínio de ativação transcricional (AD) de GAL4, o que permite a expressão de uma proteína de interesse fusionada ao AD. Já o vetor pHIS2.1 contém o gene de HIS3 em sua sequência e um sítio múltiplo de clonagem *upstream* ao gene, o que permite a inserção de um promotor para controle da expressão de HIS3. Nesse sistema, a interação da proteína clonado no vetor pDEST22 com o promotor inserido em pHIS2.1 capacita a levedura a crescer em meio deficiente no aminoácido histidina, uma vez que a interação leva a expressão do gene de HIS3, que reestabelece a via de biossíntese de histidina.

Foram obtidas 3 colônias de leveduras transformadas com o promotor de CDC2 e GmERD15-like, capazes de crescer na ausência de histidina em concentrações de até 50 mM de 3AT, um inibidor da enzima HIS3. Adicionalmente, foram obtidas duas colônias do promotor de CDC2 com AtERD15 (AT2G41430) e uma colônia de CDC2 com OsERD15 (Os07g46670), igualmente capazes de crescer na ausência de histidina em concentrações de até 50 mM de 3AT (Figura 15). Essas interações entre promotor de CDC2 e AtERD15 e OsERD15 indicam uma possível conservação de função entre os membros da família ERD15-like de arroz e *Arabidopsis* e a proteína de soja. Para o promotor de F-Box, houve uma colônia co-transformada com GmERD15-like, capaz de crescer na ausência de histidina em concentrações de até 100 mM de 3AT (Figura 15). Por fim, para o promotor de DNAJ houve 3 colônias co-transformantes com AtERD15 que exibiam prototrofia em meio deficiente em histidina e uma colônia com OsERD15. Contudo, houve uma colônia contendo o promotor de DNAJ co-transformada com o vetor pDEST22 vazio, que exibiu capacidade de crescer na ausência de histidina, em concentrações de até 100 mM de 3AT (Figura 15). A existência de uma colônia contendo o promotor de DNAJ e somente o vetor pDEST22 vazio indica que possivelmente o promotor de DNAJ pode conter um cis-elemento reconhecido por algum fator de transcrição da própria levedura, o que invalida qualquer possível interação detectada pelo monohíbrido.

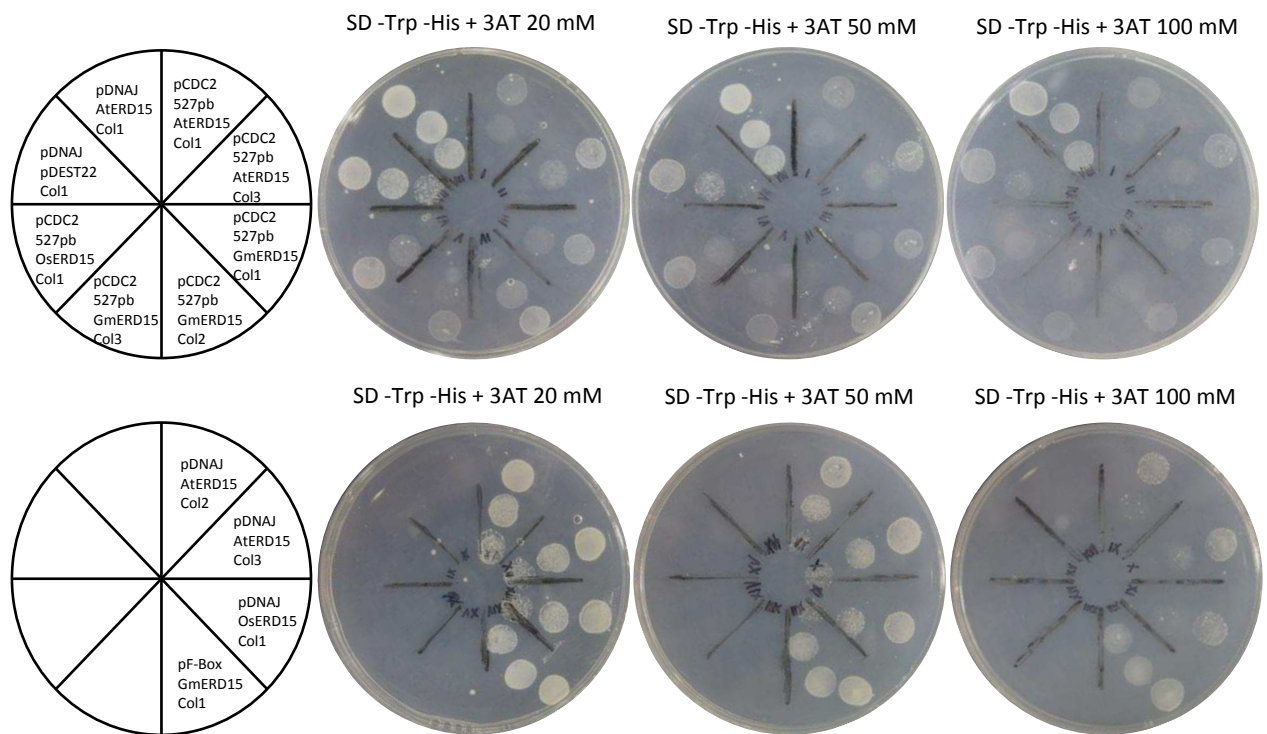


Figura 15. Monohíbrido em leveduras com AtERD15 (A T2G41430), GmERD15-like (Glyma02g42860) e OsERD15 (Os07g46670). Foram avaliadas as interações com os promotores dos genes CDC2, DNAJ, F-Box, Kelch e SAM, identificados previamente por ChIP (Tese de doutorado: Alves, 2014).

Paralelamente, foi realizado um ensaio de expressão de GmERD15-like em protoplastos de soja, para avaliação da resposta das proteínas identificadas no ChIP. Foi observado que, assim como NRP-B (Alves, 2011), o nível dos transcritos de CDC2, DNAJ e F-Box eleva-se em resposta a superexpressão de GmERD15-like (Figura 16). Estes resultados indicam que GmERD15 controla a expressão desses genes. Tanto CDC2, como DNAJ e F-Box são responsivos à seca, como pode ser observado nos dados de micro arranjo (Carvalho, 2013) (Figura 5). Entretanto CDC2 apresenta uma indução mais expressiva e contínua à medida que o estresse progride, ao passo que DNAJ e F-Box são primeiramente induzidos, mas tem sua expressão reduzida no potencial hídrico igual a 2.0. Em *Arabidopsis*, porém, proteínas homólogas de CDC2 e F-Box apresentam um padrão de resposta à seca diferente do observado em soja (Figura 4 e S2). Há um aumento na expressão de F-Box em resposta à seca moderada e redução de sua expressão na seca progressiva em folhas (Figura 4) e um aumento contínuo do acúmulo em flores (Figura S1). Já CDC2 é induzido por estresse moderado e também sofre redução de expressão no

estresse progressivo (Figura 4). Sua expressão em flores, porém, não sofre indução contínua (Figura S2), como foi observado em folhas de soja estressada por seca (Figura 5). Coletivamente, estes resultados indicam que GmERD15 (Glyma02g42860) possui uma amplitude geral no controle de expressão gênica em soja.

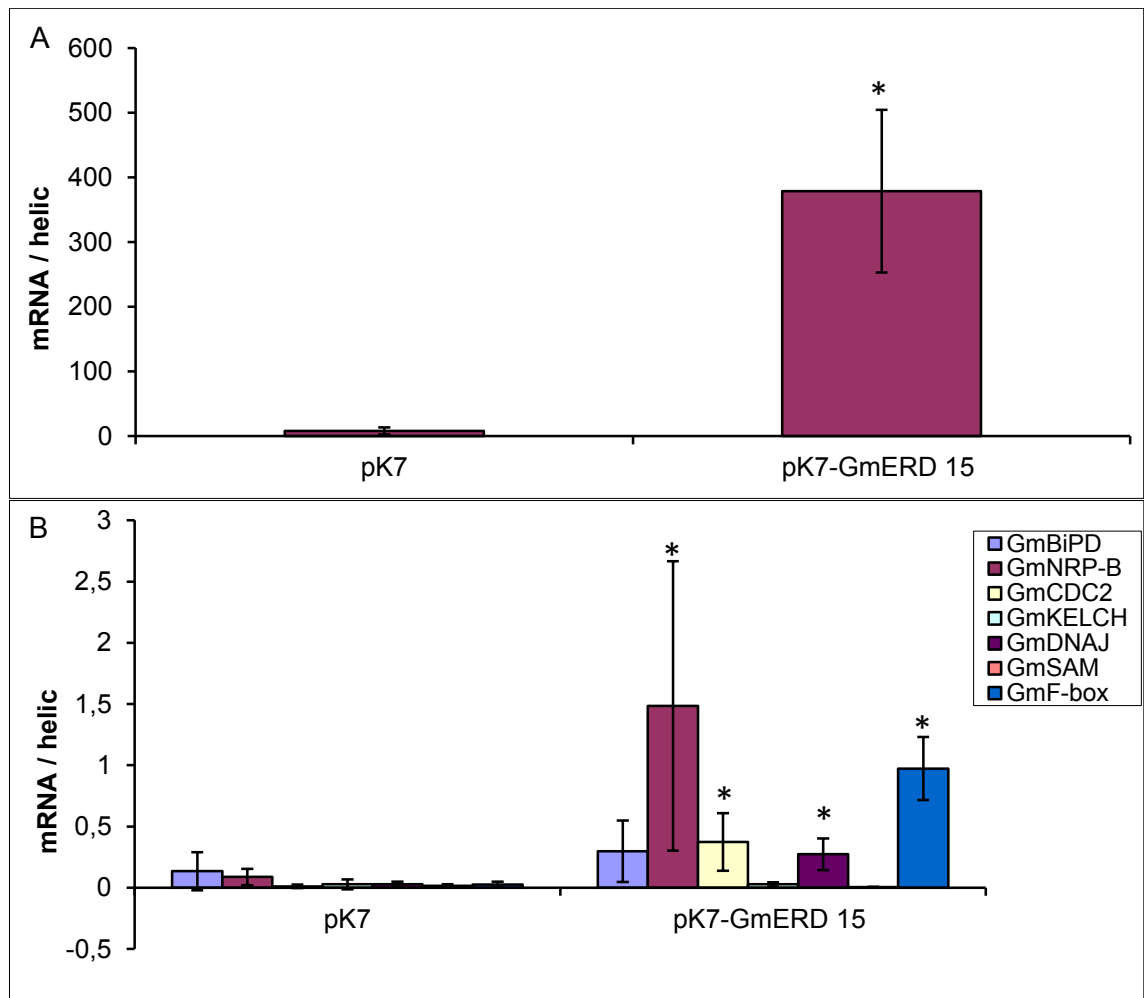


Figura 16. Ativação da transcrição dos genes NRP-B, CDC2, DNAJ e F-Box pela superexpressão de GmERD15-like (Glyma02g42860) em protoplastos de soja. **A.** O nível de expressão do gene GmERD15-like foi verificado em protoplastos transformados com o vetor pK7 vazio e contendo o gene GmERD15-like. **B.** O nível de expressão dos genes BiPD, NRP-B, CDC2, Kelch, DNAJ, SAM e F-Box foi avaliado nos protoplastos com construção vazia e com GmERD15-like. As barras finas indicam o intervalo de confiança de 5 repetições. Os asteriscos indicam tratamentos estatisticamente diferentes pelo teste de Student bicaudal, ao nível de significância de 5%.

Conclusões

Apesar da relevância de proteínas contendo o domínio PAM2 em processos celulares básicos ligados ao metabolismo do RNA em células eucarióticas, uma análise compreensiva dessa família em plantas não tem sido conduzida. Nesta investigação, as famílias PAM2-like de soja, *Arabidopsis* e arroz foram caracterizadas *in silico*, fornecendo os fundamentos para racionalização de funções de membros da referida família. Em soja, a família PAM2 é constituída por 31 membros, em *Arabidopsis*, 19, e em arroz, 22 membros. De acordo, com a similaridade de sequências e presença de domínios conservados, a família PAM2 foi dividida em 7 grupos que compartilham entre si homologia funcional. De fato, o subgrupo A engloba as proteínas ERD15-like envolvidas em resposta a múltiplos estresses. A subfamília ERD15-like possui tamanhos diferentes, sendo a família de soja a maior delas com seis membros, altamente conservados em pares. Outros três membros da família ERD15-like pertencem a arroz e dois pertencem a *Arabidopsis*. Esta estrutura da subfamília ERD15-like de soja indica que possivelmente houve uma duplicação dos genes após a diversificação inicial em três genes. Esta observação é substanciada pela ausência de um motivo conservado QPR em um par de genes altamente conservados.

Ensaio de expressão gênica, superexpressão e complementação de função estabeleceram que os membros da família ERD15-like exibem padrões distintos de resposta a estresse e não são funcionalmente redundantes. De fato, ensaios de complementação de função demonstraram divergência funcional entre *AtERD15* (AT2G41430) de *Arabidopsis*, *GmERD15-like* de soja (Glyma02g42860) e *OsERD15-like* de arroz (Os07g46670). Os genes de arroz e soja não foram capazes de complementar os fenótipos de suscetibilidade à estresse osmótico e diminuição de morte celular induzida por estresse do *knockdown* de *AtERD15* de *Arabidopsis*. Contudo, o padrão da distribuição subcelular de membros da família ERD15-like dos três organismos foi o mesmo na expressão transiente (núcleo e citoplasma) e estável (citoplasma), com exceção de *OsERD15*, que exibiu localização nuclear em algumas células. Por fim, o papel de *GmERD15-like* (Glyma02g42860) como modulador transcricional foi reforçado, indicando uma amplitude geral do controle da expressão gênica em soja por *GmERD15-like*.

Referências

Aalto, M. K., Helenius, E., Kariola, T., Pennanen, V., Heino, P., Hörak, H., Puzõrjova, I., et al. (2012). ERD15-An attenuator of plant ABA responses and stomatal aperture. *Plant science an international journal of experimental plant biology*, 182(1), 19–28.

Albrecht, M., & Lengauer, T. (2004). Survey on the PABC recognition motif PAM2. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, 316(1), 129–138.

Alfano, C., Sanfelice, D., Babon, J., Kelly, G., Jacks, A., Curry, S., & Conte, M. R. (2004). Structural analysis of cooperative RNA binding by the La motif and central RRM domain of human La protein. *Nature Structural & Molecular Biology*, 11(4), 323–9.

Alves, M. S., Fontes, E. P. B., & Fietto, L. G. (2011b). Early Responsive to Dehydration 15, a new transcription factor that integrates stress signaling pathways. *Plant signaling behavior*, 6(12), 1993–6.

Alves, M. S., Reis, P. a B., Dadalto, S. P., Faria, J. a Q. a, Fontes, E. P. B., & Fietto, L. G. (2011a). A novel transcription factor, ERD15 (Early Responsive to Dehydration 15), connects endoplasmic reticulum stress with an osmotic stress-induced cell death signal. *The Journal of Biological Chemistry*, 286(22), 20020–20030.

Alves, M.S., (2014). Caracterização de transfatores de soja envolvidos na via de resposta a estresse em plantas mediadas pelas proteínas NRPs.

Alvim, F. C., Carolino, S. M., Cascardo, J. C., Nunes, C. C., Martinez, C. a, Otoni, W. C., & Fontes, E. P. (2001). Enhanced accumulation of BiP in transgenic plants confers tolerance to water stress. *Plant physiology*, 126(3), 1042–54.

Amiri, R.M., Yur'eva, N.O., Shimshilashvili, K.R., Goldenkova-Pavlova, I.V., Pchelkin, V.P., Kuznitsova, E.I., Tsydendambaev, V.D., Trunova, T.I., Los D.A., Jouzani, G.S., Nosov, A.M. (2010) Expression of Acyl-lipid Δ 12-desaturase Gene in Prokaryotic and Eukaryotic Cells and Its Effect on Cold Stress Tolerance of Potato - Amiri - 2010 - *Journal of Integrative Plant Biology* - Wiley Online Library.

Batoko, H., Zheng, H.Q., Hawes, C. and Moore, I. (2000) A rab1 GTPase is required for transport between the endoplasmic reticulum and Golgi apparatus and for normal Golgi movement in plants. *Plant Cell*, 12, 2201–2218.

Betts, M.J. & Russell, R.B. (2003) Amino acid properties and consequences of substitutions. In *Bioinformatics for Geneticists*, M.R. Barnes, I.C. Gray eds, Wiley.

Biederer, T. (1997). Role of Cue1p in Ubiquitination and Degradation at the ER Surface. *Science*, 278(5344), 1806–1809.

Brader, G., Tas, É., & Palva, E. T. (2001). Jasmonate-Dependent Induction of Indole Glucosinolates in Arabidopsis by Culture Filtrates of the Nonspecific Pathogen *Erwinia carotovora* 1, 126(June), 849–860.

Bravo, J., Aguilar-Henonin, L., Olmedo, G., & Guzmán, P. (2005). Four distinct classes of proteins as interaction partners of the PABC domain of Arabidopsis thaliana Poly (A)-binding proteins. *Molecular Genetics and Genomics*, (2005), 651–665.

Carvalho, H. H., Silva, P. a, Mendes, G. C., Brustolini, O. J. B., Pimenta, M. R., Gouveia, B. C., Valente, M. A. S., Ramos, H. J. O., Soares-Ramos, J. R. L., & Fontes, E. P. B. (2013). The endoplasmic reticulum binding protein BiP displays dual function in modulating cell death events. *Plant Physiology*.

Cascardo, M., Almeida, R. S., Buzeli, R. A. A., Carolino, M. B., Otoni, W. C., & Fontes, E. P. B. (2000). The Phosphorylation State and Expression of Soybean BiP Isoforms Are Differentially Regulated following Abiotic Stresses *, *275(19)*, 14494–14500.

Chekanova, J.A. & Belostotsky, D.A. (2003) Evidence that poly (A) binding protein has an evolutionarily conserved function in facilitating mRNA biogenesis and export, *RNA* 9 1476–1490.

Chen, L. M., Zhou, X. a, Li, W. B., Chang, W., Zhou, R., Wang, C., Chen, S. L. (2013). Genome-wide transcriptional analysis of two soybean genotypes under dehydration and rehydration conditions. *BMC Genomics*, 14(1), 687.

Chen, Y., & Brandizzi, F. (2012). AtIRE1A/AtIRE1B and AGB1 independently control two essential unfolded protein response pathways in Arabidopsis. *The Plant journal: for cell and molecular biology*, 69(2), 266–77.

Clough, S.J. and Bent, A.F. (1998) Floral dip: a simplified method for Agrobacterium mediated transformation of Arabidopsis thaliana. *Plant J*; 16:735-43.

Consortium, G. O. (2008). The gene ontology project in 2008. *Nucleic Acids Research*, 36 (Database issue), D440–4.

Costa, M. D. L., Reis, P. a B., Valente, M. A. S., Irsigler, A. S. T., Carvalho, C. M., Loureiro, M. E., Aragão, F. J. L., et al. (2008). A new branch of endoplasmic reticulum stress signaling and the osmotic signal converge on plant-specific asparagine-rich proteins to promote cell death. *The Journal of Biological Chemistry*, 283(29), 20209–20219.

Craig, A.W., Haghghat, A., Yu, A.T., Sonenberg, N., (1998) Interaction of polyadenylate-binding protein with the eIF4G homologue PAIP enhances translation, *Nature* 392 520–523.

Cramer, G. R., Urano, K., Delrot, S., Pezzotti, M., & Shinozaki, K. (2011). Effects of abiotic stress on plants: a systems biology perspective. *BMC Plant Biology*, 11(1), 163.

Das, a K., Cohen, P. W., & Barford, D. (1998). The structure of the tetratricopeptide repeats of protein phosphatase 5: implications for TPR-mediated protein-protein interactions. *The EMBO Journal*, 17(5), 1192–9.

Deng, Y. et al. (2011) Heat induces the splicing by IRE1 of a mRNA encoding a transcription factor involved in the unfolded protein response in *Arabidopsis*. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 108, 7247–7252.

Dunaeva, M., & Adamska, I. (2001). Identification of genes expressed in response to light stress in leaves of *Arabidopsis thaliana* using RNA differential display. *The Federation of European Biochemical Societies Journal*, 268(21), 5521–5529.

Ellgaard, L. and Helenius, A. (2003) Quality control in the endoplasmic reticulum. *Nat. Rev. Mol. Cell Biol.* 4, 181–191.

Faria, J. A. Q. A., Reis, P. A. B., Reis, M. T. B., Rosado, G. L., Pinheiro, G. L., Mendes, G. C., & Fontes, E. P. B. (2011). The NAC domain-containing protein, GmNAC81, is a downstream component of the ER stress- and osmotic stress-induced NRP-mediated cell-death signaling pathway. *BMC plant biology*, 11(1), 129.

Fields, S.D., Arana, Q., Heuser, J., Clarke, M., (2002) Mitochondrial membrane dynamics are altered in *cluA*- mutants of *Dictyostelium*. *J Muscle Res Cell Motil.* 23:829-838.

Finn, R. D., Clements, J., & Eddy, S. R. (2011). HMMER web server: interactive sequence similarity searching. *Nucleic Acids Research*, 39(Web Server issue), W29–37.

Franceschi, V.R., Ku, M.S.B., Wittenbach, V.A. (1984) Isolation of Mesophyll and Paraveinal Mesophyll Protoplasts from Soybean Leaves. *Plant Sci Lett* 36: 181-186.

Gardner, B.M. and Walter, P. (2011) Unfolded proteins are Ire1-activating ligands that directly induce the unfolded protein response. *Science* 333, 1891–1894.

Harb, A., Krishnan, A., Ambavaram, M.M., Pereira, A. (2010) Molecular and physiological analysis of drought stress in *Arabidopsis* reveals early responses leading to acclimation in plant growth. *Plant Physiol Nov*; 154(3):1254-71.

Harding, H. P., Zhang, Y., Zeng, H., Novoa, I., Lu, P. D., Calton, M., Carolina, N. (2003). An Integrated Stress Response Regulates Amino Acid Metabolism and Resistance to Oxidative Stress. *National Institute of Environmental Health Sciences*, 11, 619–633.

Hegde, R., Srinivasula, S.M., Datta, P., Madesh, M., Wassell, R., Zhang, Z., Cheong, N., Nejme, J., Fernandes-Alnemri, T., Hoshino, S., Alnemri, E.S. (2003) The polypeptide chain-releasing factor GSPT1/ eRF3 is proteolytically processed into an IAP-binding protein, *J. Biol. Chem.* 278 38699–38706.

Hegedus, D., Yu, M., Baldwin, D., Gruber, M., Sharpe, A., Parkin, I., et al. (2003) Molecular characterization of *Brassica napus* NAC domain transcriptional activators induced in response to biotic and abiotic stress. *Plant Mol Biol* 53:383-97.

Hermann, H., Fabrizio, P., Raker, V. a, Foulaki, K., Hornig, H., Brahms, H., & Lührmann, R. (1995). snRNP Sm proteins share two evolutionarily conserved sequence motifs which are involved in Sm protein-protein interactions. *The EMBO Journal*, 14(9), 2076–88.

Hollien, J. et al. (2009) Regulated Ire1-dependent decay of messenger RNAs in mammalian cells. *J. Cell Biol.* 186, 323–331.

Howell, S. H. (2013). Endoplasmic reticulum stress responses in plants. *Annual review of plant biology*, 64, 477–99.

Huang, G., Ma, S., Bai, L., Zhang, L., Ma, H., Jia, P., Guo, Z.-F. (2012). Signal transduction during cold, salt, and drought stresses in plants. *Mol Biol Rep*, 969–987.

Irizarry, R.A., Hobbs, B., Collin, F., Beazer-Barclay, Y.D., Antonellis, K.J., et al. (2003) Exploration, normalization, and summaries of high density oligonucleotide array probe level data. *Biostatistics* 4:249–264.

Irsigler, A. S., Costa, M. D., Zhang, P., Reis, P. A., Dewey, R. E., Boston, R. S., & Fontes, E. P. (2007). Expression profiling on soybean leaves reveals integration of ER- and osmotic-stress pathways. *BMC Genomics*, 8, 431.

Iwata, Y, Fedoroff, NV, Koizumi, N. (2008). Arabidopsis bZIP60 is a proteolysis-activated transcription factor involved in the endoplasmic reticulum stress response. *Plant Cell* 20:3107–21

Iwata, Y., & Koizumi, N. (2012). Plant transducers of the endoplasmic reticulum unfolded protein response. *Trends in Plant Science*, 17(12), 1–8.

Kang, R. S., Daniels, C. M., Francis, S. a, Shih, S. C., Salerno, W. J., Hicke, L., & Radhakrishnan, I. (2003). Solution structure of a CUE-ubiquitin complex reveals a conserved mode of ubiquitin binding. *Cell*, 113(5), 621–30.

Kariola, T., Brader, G., Helenius, E., Li, J., Heino, P., & Palva, E. T. (2006). Early Responsive to Dehydration 15, a negative regulator of abscisic acid responses in Arabidopsis. *Plant Physiology*, 142(4), 1559–1573.

Kenan, D. J., & Keene, J. D. (2004). La gets its wings. *Nature Structural & Molecular Biology*, 11(4), 303–5.

Kerr, M.K., Mitchell, M., Churchill, G.A. (2000) Analysis of variance for gene expression microarray data. *J Comp Biol* 7:819–837.

Khaleghpour, K., Kahvejian, A., De Crescenzo, G., Roy, G., Svitkin, Y.V., Imataka, H., O'Connor-McCourt, M., Sonenberg, N. (2001b) Dual interactions of the translational repressor Paip2 with poly (A) binding protein, *Mol. Cell. Biol.* 21 5200–5213.

Khaleghpour, K., Svitkin, Y.V., Craig, A.W., DeMaria, C.T., Deo, R.C., Burley, S.K., Sonenberg, N. (2001a) Translational repression by a novel partner of human poly(A) binding protein, Paip2, *Mol. Cell* 7 205–216.

Kielkopf, C. L., Lücke, S., & Green, M. R. (2004). U2AF homology motifs: protein recognition in the RRM world. *Genes & Development*, 18(13), 1513–26.

Kim, SY, Chung, H, Thomas, TL (1997). Isolation of a novel class of bZIP transcription factors that interact with ABA-responsive and embryo-specification

elements in the Dc3 promoter using a modified yeast one-hybrid system. Volume 11, 6, 1237-1251.

Kiyosue, T., Yamaguchi-Shinozaki, K., & Shinozaki, K. (1994). ERD15, a cDNA for a Dehydration-Induced Gene from *Arabidopsis thaliana*, 2085.

Koizumi, N., Martinez, I. M., Kimata, Y., Kohno, K., Sano, H., & Chrispeels, M. J. (2001). Molecular Characterization of Two *Arabidopsis* Ire1 Transmembrane Protein Kinases 1, 127(November), 949–962.

Koizumi, N., Ujino, T., Sano, H., & Chrispeels, M. J. (1999). Overexpression of a Gene That Encodes the First Enzyme in the Biosynthesis of Asparagine-Linked Glycans Makes Plants Resistant to Tunicamycin and Obviates the Tunicamycin- Induced Unfolded Protein Response 1,121 (October), 353–361.

Kroemer, G., Mariño, G., & Levine, B. (2010). Autophagy and the integrated stress response. *Molecular Cell*, 40(2), 280–93.

Kufel, J., Allmang, C., Petfalski, E., Beggs, J., & Tollervey, D. (2003). Lsm Proteins are required for normal processing and stability of ribosomal RNAs. *The Journal of Biological Chemistry*, 278(4), 2147–56.

Lamb, J. R., Tugendreich, S., & Hieter, P. (1995). Tetratricopeptide repeat interactions: to TPR or not to TPR? *Trends in Biochemical Sciences*, 20(7), 257–9.

Leborgne-Castel, N., Jelitto-Van Dooren, E. P., Crofts, a J., & Denecke, J. (1999). Overexpression of BiP in tobacco alleviates endoplasmic reticulum stress. *The Plant cell*, 11(3), 459–70.

Lee, S.J., Kang, J.Y., Park, H.J., Kim, M.D., Bae, M.S., Choi, H.I. et al. (2010) DREB2C interacts with ABF2, a bZIP protein regulating abscisic acid-responsive gene expression, and its overexpression affects abscisic acid sensitivity. *Plant Physiol.* 153: 716–727.

Li, J., Wong, L. (2001) Emerging patterns and gene expression data. *Genome Inform* 12:3–13.

Liang, F. and Sze, H. (1998) A high-affinity Ca^{2+} pump, ECA1, from the endoplasmic reticulum is inhibited by cyclopiazonic acid but not by thapsigargin. *Plant Physiol.* 118, 817–825.

Liu, J.X. and Howell, S.H. (2010) bZIP28 and NF-Y transcription factors are activated by ER stress and assemble into a transcriptional complex to regulate stress response genes in *Arabidopsis*. *Plant Cell* 22, 782–796.

Liu, J.-X., Srivastava, R., Che, P., & Howell, S. H. (2007). An endoplasmic reticulum stress response in Arabidopsis is mediated by proteolytic processing and nuclear relocation of a membrane-associated transcription factor, bZIP28. *The Plant cell*, 19(12), 4111–9.

López-pérez, L., Martínez-ballesta, C., Maurel, C., & Carvajal, M. (2009). Phytochemistry changes in plasma membrane lipids, aquaporins and proton pump of broccoli roots, as an adaptation mechanism to salinity, 70, 492–500.

Mangus, D.A., Evans, M.C. & Jacobson, A. (2003) Poly (A)-binding proteins: multifunctional scaffolds for the post-transcriptional control of gene expression, *Genome Biol.* 4 223.1–223.14.

Maris, C., Dominguez, C., & Allain, F. H.-T. (2005). The RNA recognition motif, a plastic RNA-binding platform to regulate post-transcriptional gene expression. *The FEBS Journal*, 272(9), 2118–31.

Mendes, G. C., Reis, P. a B., Calil, I. P., Carvalho, H. H., Aragão, F. J. L., & Fontes, E. P. B. (2013). GmNAC30 and GmNAC81 integrate the endoplasmic reticulum stress- and osmotic stress-induced cell death responses through a vacuolar processing enzyme. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 1–6.

Mishima, Y., Fukao, A., Kishimoto, T., Sakamoto, H., Fujiwara, T., & Inoue, K. (2011). Translational inhibition by deadenylation-independent mechanisms is central to microRNA-mediated silencing in zebrafish.

Moreira, D., & Philippe, H. (1999). Smr: a bacterial and eukaryotic homologue of the C-terminal region of the MutS2 family. *Trends in Biochemical Sciences*, 0004(99), 298–300.

Moreno, A.A., Mukhtar, M.S., Blanco, F., Boatwright, J.L., Moreno, I., et al. (2012). IRE1/bZIP60-mediated unfolded protein response plays distinct roles in plant immunity and abiotic stress responses. *PLoS ONE* 7:e31944

Morris, J. A., Dorner, A. J., Edwards, C. a, Hendershot, L. M., & Kaufman, R. J. (1997). Immunoglobulin binding protein (BiP) function is required to protect cells from endoplasmic reticulum stress but is not required for the secretion of selective proteins. *The Journal of biological chemistry*, 272(7), 4327–34.

Murashige, T. and Skoog, F. (1962) A revised medium for rapid growth and bio-assays with tobacco tissue cultures. *Physiol Plant* 15(3): 473-497.

Nagashima, Y., Mishiba, K., Suzuki, E., Shimada, Y., Iwata, Y., Koizumi, N. (2011) Arabidopsis IRE1 catalyses unconventional splicing of bZIP60 mRNA to produce the active transcription factor. *Sci. Rep.* 1, 29.

Neuwald, A.F., Koonin, E.V. (1998) Ataxin-2, global regulators of bacterial gene expression, and spliceosomal snRNP proteins share a conserved domain. *J Mol Med*;76:3-5.

Osawa, M., Hosoda, N., Nakanishi, T., Uchida, N., Kimura, T., Imai, S., Shimada, I. (2012). Biological role of the two overlapping poly (A)-binding protein interacting motifs 2 (PAM2) of eukaryotic releasing factor eRF3 in mRNA decay. *RNA (New York, N.Y.)*, 18(11), 1957–67.

Park, M.Y., Chung, M.S., Koh, H.S., Lee, D.J., Ahn, S.J., & Kim, C.S. (2009). Isolation and functional characterization of the Arabidopsis salt-tolerance 32 (AtSAT32) gene associated with salt tolerance and ABA signaling. *Physiologia Plantarum*, 135(4), 426–435.

Park, S., Fung, P., Nishimura, N., Jensen, D. R., Zhao, Y., Lumba, S., Santiago, J., et al. (2010). Abscisic acid inhibits PP2Cs via the PYR/PYL family of ABA-binding START proteins, 324(5930), 1068–1071.

Pearce, A K., & Humphrey, T. C. (2001). Integrating stress-response and cell-cycle checkpoint pathways. *Trends in Cell Biology*, 11(10), 426–33.

Peters, J.M. (2006) The anaphase promoting complex/cyclosome: a machine designed to destroy. *Nat Rev Mol Cell Biol.* 7:644-656.

Pinheiro, G.L., Marques, C.S., Costa, M.D.B.L., Reis, P.A.B., Alves, M.S., Carvalho, C.M., Fietto, L.G., Fontes, E.P.B., (2009). Complete inventory of soybean NAC transcription factors: Sequence conservation and expression analysis uncover their distinct roles in stress response. *Gene* 444 10–23.

Qin, F., Shinozaki, K., & Yamaguchi-Shinozaki, K. (2011). Achievements and challenges in understanding plant abiotic stress responses and tolerance. *Plant cell physiology*, 52(9), 1569–1582.

Ranal, M., & Santana, D. (2006). How and why to measure the germination process? *Brazilian Journal of Botany*, 2, 1–11.

Raymond, C.K., Howald-Stevenson, I., Vater, C.A., Stevens, T.H. (1992). Morphological classification of the yeast vacuolar protein sorting mutants: evidence for a prevacuolar compartment in class E vps mutants; *Mol Biol Cell* 3:1389-1402.

Reis, P. A. B., & Fontes, P. B. (2012). A new branch of the ER stress response with implications for plant biotechnology N-rich protein (NRP)-mediated cell death signaling. *Plant Signaling & Behavior*. (June), 628–632.

Reis, P. A. B., Rosado, G. L., Silva, L. A. C., Oliveira, L. C., Oliveira, L. B., Costa, M. D. L., Alvim, F. C., et al. (2011). The binding protein BiP attenuates stress-induced cell death in soybean via modulation of the N-rich protein-mediated signaling pathway. *Plant Physiology*, 157(4), 1853–65.

Rispol, D., Henri, J., van Tilbeurgh, H., Graille, M., & Séraphin, B. (2011). Structural and functional analysis of Nro1/Ett1: a protein involved in translation termination in *S. cerevisiae* and in O₂-mediated gene control in *S. pombe*. *RNA* (New York, N.Y.), 17(7), 1213–24.

Rizhsky, L., Liang, H., & Shuman, J. (2004). When defense pathways collide. The response of *Arabidopsis* to a combination of drought and heat stress. *Plant Physiology*, (April), 1683–1696.

Roy, G., Crescenzo, G. De, Kahvejian, A., Connor-mccourt, M. O., Sonenberg, N., Roy, G., Sonenberg, N. (2002). Paip1 Interacts with Poly A-Binding Protein through Two Independent Binding Motifs Paip1 Interacts with Poly-A Binding Protein through Two Independent Binding Motifs.

Saitou, N. & Nei, M. (1987). The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution* 4:406-425.

Schroder, M., & Kaufman, R.J. (2005) ER stress and the unfolded protein response. *Mutat Res* 569: 29–63.

Shih, S. C., Prag, G., Francis, S. a, Sutanto, M. a, Hurley, J. H., & Hicke, L. (2003). A ubiquitin-binding motif required for intramolecular monoubiquitylation, the CUE domain. *The EMBO Journal*, 22(6), 1273–81.

Spinelli, S.L., Kierzek, R., Turner, D.H., Phizicky, E.M. (1999) Transient ADP-ribosylation of a 2'-phosphate implicated in its removal from ligated tRNA during splicing in yeast. *J Biol Chem*, 274:2637-2644.

Su, Z., Ma, X., Guo, H., Sukiran, N.L. et al. (2013) Flower development under drought stress: morphological and transcriptomic analyses reveal acute responses and long-term acclimation in *Arabidopsis*. *Plant Cell Oct*; 25(10):3785-807.

Sugden, C., Ross, S., Bloomfield, G., Ivens, A., Skelton, J., Mueller-Taubenberger, A., Williams, J.G. (2010) Two novel Src homology 2 domain

proteins interact to regulate dictyostelium gene expression during growth and early development. *J Biol Chem.* 285:22927-22935.

Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipinski, A., and Kumar, S. (2013). MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 6.0. *Molecular Biology and Evolution* 30: 2725-2729

Tenhaken, R., Doerks, T., Bork, P. (2005) DCD—a novel plant specific domain in proteins involved in development and programmed cell death *BMC Bioinformatics.*

Tepfer, M. and Casse-Delbart, F. (1987) *Agrobacterium rhizogenes* as a vector for transforming higher plants. *Microbiological Science*, 4:24-28.

Teske, B. F., Wek, S. a, Bunpo, P., Cundiff, J. K., McClintick, J. N., Anthony, T. G., & Wek, R. C. (2011). The eIF2 kinase PERK and the integrated stress response facilitate activation of ATF6 during endoplasmic reticulum stress. *Molecular biology of the cell*, 22(22), 4390–405.

Timmusk, S., & Wagner, E. G. H. (1999). The Plant-Growth-Promoting Rhizobacterium *Paenibacillus polymyxa* Induces Changes in *Arabidopsis thaliana* Gene Expression: A Possible Connection between Biotic and Abiotic Stress Responses, 12(11), 951–959.

Tran, L.S.P., Nakashima, K., Sakuma, Y., Osakabe, Y., Qin, F., Simpson, S.D. et al. (2007) Co-expression of the stress-inducible zinc finger homeodomain ZFHD1 and NAC transcription factors enhances expression of the ERD1 gene in *Arabidopsis*. *Plant J.* 49: 46–63.

Valente, M. A. S., Faria, J. a Q. a, Soares-Ramos, J. R. L., Reis, P. a B., Pinheiro, G. L., Piovesan, N. D., Morais, A. T., et al. (2009). The ER luminal binding protein (BiP) mediates an increase in drought tolerance in soybean and delays drought-induced leaf senescence in soybean and tobacco. *Journal of experimental botany*, 60(2), 533–46.

Vembar, S.S. and Brodsky, J.L. (2008) One step at a time: endoplasmic reticulum-associated degradation. *Nat. Rev. Mol. Cell Biol.* 9, 944–957.

Vodermaier, H.C., Gieffers, C., Maurer-Stroh, S., Eisenhaber, F., Peters, J.M. (2003) TPR subunits of the anaphase-promoting complex mediate binding to the activator protein CDH1. *Curr Biol.* 13:1459-1468.

Vornlocher, H.P., Hanachi, P., Ribeiro, S., Hershey, J.W. (1999) A 110-kilodalton subunit of translation initiation factor eIF3 and an associated 135-

kilodalton protein are encoded by the *Saccharomyces cerevisiae* TIF32 and TIF31 genes. *J Biol Chem.* 274:16802-16812.

Walley, J.W., Coughlan, S., Hudson, M.E., Covington, M.F., Kaspi, R., Banu, G., Harmer, S.L., Dehesh, K. (2007). Mechanical stress induces biotic and abiotic stress responses via a novel cis-element. *PLoS Genetics* 3 (October) 1800–1812.

Wang, S., Narendra, S., & Fedoroff, N. (2007). Heterotrimeric G protein signaling in the *Arabidopsis* unfolded protein response. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 104(10), 3817–22.

Watanabe, N., Wachi, S., & Fujita, T. (2003). Identification and Characterization of BCL-3-binding Protein implications for transcription and DNA repair or recombination. *Journal of Biological Chemistry*, 278(28), 26102–10.

Ye, J. et al. (2000) ER stress induces cleavage of membrane-bound ATF6 by the same proteases that process SREBPs. *Mol. Cell* 6, 1355– 1364.

Yoshioka, R., Soga, K., Wakabayashi, K., Takeba, G., Hoson, T. (2003) Hypergravity-induced changes in gene expression in *Arabidopsis* hypocotyls. *Adv Space Res.*; 31(10):2187-93.

Zhu, Q., Hulen, D., Liu, T., Clarke, M. (1997) The *cluA*-mutant of *Dictyostelium* identifies a novel class of proteins required for dispersion of mitochondria. *Proc Natl Acad Sci USA.* 94:7308-7313.

Suplementos

Figura S1. Perfil de resposta à seca em flores de *Arabidopsis*. O heatmap representa a expressão relativa de 169 genes em plantas WT, controle (WT Col-0) e em 4 dias diferentes, onde a irrigação foi completamente suspensa: DT Col-0 3d, 4d, 5d e 10d (Su et al., 2013).

Tabela S1. Identificação dos motivos e domínios conservados nas 72 proteínas da família PAM2-like de *Arabidopsis*, soja e arroz. Foi utilizada a suíte HMMsearch do software HMMER. Foram considerados somente alinhamentos com e-value menor ou igual a 0,01.

Tabela S2. Valores de log₂FC e p-valores para contrastes entre os valores de expressão de plantas wild type, controle (WW 1d) com plantas sob seca moderada (mDr), 1d e 10d, e sob seca progressiva (pDr) (Harb et al., 2010). A expressão relativa de 169 genes de *Arabidopsis* foi avaliada.

Tabela S3. Valores de log₂FC e p-valores para contrastes entre os valores de expressão de plantas WT, controle irrigado (WT Irrig) com 3 potenciais hídricos diferentes: $\psi_W = 1.0$ (19d), $\psi_W = 1.7$ (23d) e $\psi_W = 2.0$ (25d) (Carvalho et al., 2013). A expressão relativa de 157 genes de soja foi avaliada.

Tabela S4. Valores de log₂FC e p-valores para contrastes entre os valores de expressão de plantas WT, controle (WT Col-0) com 4 dias diferentes de suspensão da irrigação: DT Col-0 3d, 4d, 5d e 10d (Su et al., 2013). A expressão relativa de 169 genes de *Arabidopsis* foi avaliada.

Tabela S1

ID Glyma	Tlen	Domain name	Accession	Qlen	E-value	score	bias	# of	c-Evalue	i-Evalue	score	bias	Domain		Alignment		Sequence		Prob.
													from	to	from	to	from	to	
AT1G15290.1	1608	CLU	PF13236.1	219	0,00013	14	0,1	1 1	0,000021	0,00043	12,3	0	2	47	310	355	309	380	0,86
AT1G15290.1	1608	eIF3_p135	PF12807.2	166	1,4E-35	115,2	0,1	1 1	5E-36	5,7E-35	113,2	0	2	166	674	821	673	821	0,88
AT1G15290.1	1608	PAM2	PF07145.10	18	0,000054	15,3	0,2	1 1	0,00016	0,00016	13,8	0,1	7	16	1471	1480	1466	1480	0,9
AT1G15290.1	1608	TPR_1	PF00515.23	34	0,00059	12,1	9	1 1	0,0002	0,002	10,4	0,1	1	32	890	921	890	923	0,94
AT1G15290.1	1608	TPR_10	PF13374.1	42	2,9E-17	54,7	6,9	1 2	2,1E-09	0,000000021	26,5	0	4	42	892	930	889	930	0,96
AT1G15290.1	1608	TPR_10	PF13374.1	42	2,9E-17	54,7	6,9	2 2	0,000000015	0,000000015	23,8	0,2	1	41	973	1013	973	1014	0,98
AT1G15290.1	1608	TPR_11	PF13414.1	69	1,8E-10	33	1,8	1 2	0,000072	0,00072	11,8	0,1	13	68	858	920	850	921	0,8
AT1G15290.1	1608	TPR_11	PF13414.1	69	1,8E-10	33	1,8	2 2	0,00000023	0,0000023	19,8	0,2	6	67	935	1003	930	1005	0,86
AT1G15290.1	1608	TPR_12	PF13424.1	78	1,1E-29	94,9	15,8	1 3	8,4E-12	8,4E-11	34,3	0,2	14	77	857	921	848	922	0,92
AT1G15290.1	1608	TPR_12	PF13424.1	78	1,1E-29	94,9	15,8	2 3	4,2E-17	4,2E-16	51,3	0,7	1	73	886	959	886	963	0,96
AT1G15290.1	1608	TPR_12	PF13424.1	78	1,1E-29	94,9	15,8	3 3	1,5E-12	1,5E-11	36,7	1,8	1	75	970	1045	970	1048	0,96
AT1G15290.1	1608	TPR_16	PF13432.1	65	0,0000042	20	0,9	1 2	0,00024	0,0027	11,1	0	30	60	889	919	852	929	0,74
AT1G15290.1	1608	TPR_16	PF13432.1	65	0,0000042	20	0,9	2 2	0,0097	0,11	5,9	0,1	5	59	940	1002	937	1012	0,9
AT1G15290.1	1608	TPR_2	PF07719.12	34	0,000000014	26,9	7,1	1 2	0,0000077	0,000077	15,2	0,1	3	32	892	921	890	923	0,93
AT1G15290.1	1608	TPR_2	PF07719.12	34	0,000000014	26,9	7,1	2 2	0,0009	0,009	8,7	0,2	6	28	937	959	933	962	0,88
AT1G15290.1	1608	TPR_8	PF13181.1	34	0,00016	14	11,7	1 2	0,00061	0,0061	9,1	0	4	32	893	921	892	923	0,9
AT1G15290.1	1608	TPR_8	PF13181.1	34	0,00016	14	11,7	2 2	0,0078	0,078	5,6	0,1	2	32	975	1005	974	1007	0,92
AT1G15290.1	1608	TPR_9	PF13371.1	73	0,00064	12,2	0,3	1 1	0,00024	0,0024	10,4	0,1	5	60	942	1005	938	1022	0,9
AT1G32790.2	406	PAM2	PF07145.10	18	0,000000072	24,3	0,6	1 1	0,00000016	0,00000016	23,2	0,4	2	17	89	104	88	105	0,9
AT1G32790.2	406	RRM_1	PF00076.17	70	5,9E-25	79,4	0	1 2	1,4E-14	4,4E-14	44,6	0	1	65	175	237	175	242	0,95
AT1G32790.2	406	RRM_1	PF00076.17	70	5,9E-25	79,4	0	2 2	3,2E-10	9,9E-10	30,6	0	1	69	272	339	272	340	0,94
AT1G32790.2	406	RRM_5	PF13893.1	56	4E-10	32,1	0	1 2	0,000013	0,00004	16,1	0	7	53	195	243	189	246	0,83
AT1G32790.2	406	RRM_5	PF13893.1	56	4E-10	32,1	0	2 2	0,000075	0,00023	13,6	0	9	52	295	340	289	343	0,82
AT1G32790.2	406	RRM_6	PF14259.1	69	3E-25	80,7	0	1 2	9,6E-14	3E-13	42,3	0	1	64	175	237	175	242	0,93
AT1G32790.2	406	RRM_6	PF14259.1	69	3E-25	80,7	0	2 2	7,6E-12	2,3E-11	36,2	0	1	65	272	336	272	340	0,92
AT1G33050.1	693	PAM2	PF07145.10	18	0,000000015	26,4	12,3	1 2	0,00024	0,00024	13,2	0,2	3	18	174	189	172	189	0,88
AT1G33050.1	693	PAM2	PF07145.10	18	0,000000015	26,4	12,3	2 2	0,0012	0,0012	11,1	0,2	4	18	277	291	274	291	0,82
AT1G53650.1	314	PAM2	PF07145.10	18	0,00000013	23,5	0,5	1 1	0,00000027	0,00000027	22,5	0,4	1	18	55	72	55	72	0,9
AT1G53650.1	314	RRM_1	PF00076.17	70	2,3E-27	87,1	0	1 2	3E-14	9,1E-14	43,5	0	1	66	130	193	130	197	0,95
AT1G53650.1	314	RRM_1	PF00076.17	70	2,3E-27	87,1	0	2 2	4E-13	1,2E-12	39,9	0	1	70	227	295	227	295	0,97
AT1G53650.1	314	RRM_5	PF13893.1	56	5,6E-16	50,8	0	1 2	0,000000034	0,00000011	24,3	0	4	55	147	200	144	201	0,89
AT1G53650.1	314	RRM_5	PF13893.1	56	5,6E-16	50,8	0	2 2	0,000000034	0,0000001	24,3	0	8	56	249	299	246	299	0,94
AT1G53650.1	314	RRM_6	PF14259.1	69	8,3E-27	85,7	0	1 2	5,6E-14	1,7E-13	43	0	1	68	130	196	130	197	0,93
AT1G53650.1	314	RRM_6	PF14259.1	69	8,3E-27	85,7	0	2 2	3,2E-13	1E-12	40,6	0	1	69	227	295	227	295	0,95
AT1G54170.1	587	LsmAD	PF06741.8	72	2,6E-28	90,6	0,2	1 1	4,2E-29	5,6E-28	89,5	0,1	1	70	205	274	205	276	0,98
AT1G54170.1	587	PAM2	PF07145.10	18	6,8E-10	30,6	12,9	1 2	0,0000012	0,0000012	20,5	0,4	2	14	464	476	463	476	0,9
AT1G54170.1	587	PAM2	PF07145.10	18	6,8E-10	30,6	12,9	2 2	0,000006	0,000006	18,3	2,2	4	17	475	488	475	489	0,92
AT1G54170.1	587	SM-ATX	PF14438.1	118	1,6E-27	88,9	0	1 1	4,8E-28	3,5E-27	87,8	0	3	118	52	170	50	170	0,88
AT2G26280.1	567	DUF1771	PF08590.5	66	2,9E-17	55,1	6,4	1 1	4,1E-18	6,5E-17	54	4,4	2	65	408	471	407	472	0,99
AT2G26280.1	567	PAM2	PF07145.10	18	0,0000025	19,4	0,2	1 1	0,0000058	0,0000058	18,3	0,1	2	15	18	31	18	31	0,93
AT2G26280.1	567	Smr	PF01713.16	83	0,000000012	27,7	0,5	1 1	6,3E-09	0,000000084	25	0,1	1	55	485	548	485	564	0,84
AT2G41430.1	163	PAM2	PF07145.10	18	0,000004	18,8	0,4	1 1	0,0000085	0,0000085	17,8	0	3	15	8	20	6	22	0,89
AT2G43970.1	545	La	PF05383.12	61	7,7E-24	75,9	0,1	1 1	2,2E-24	2,2E-23	74,5	0,1	1	61	197	256	197	256	0,97

Tabela S1

ID Glyma	Tlen	Domain name	Accession	Qlen	E-value	score	bias	# of	c-Evalue	i-Evalue	score	bias	Domain		Alignment		Sequence		Prob.
													from	to	from	to	from	to	
AT2G43970.1	545	PAM2	PF07145.10	18	0,000015	17	0	1 1	0,000041	0,000041	15,6	0	4	16	47	59	45	59	0,92
AT2G43970.1	545	RRM_1	PF00076.17	70	0,00000017	23,4	0	1 2	0,00025	0,00078	11,7	0	4	33	290	319	287	326	0,86
AT2G43970.1	545	RRM_1	PF00076.17	70	0,00000017	23,4	0	2 2	0,0018	0,0056	9	0	37	60	342	365	335	368	0,89
AT2G43970.1	545	RRM_6	PF14259.1	69	0,000018	17,3	0	1 1	0,000041	0,00013	14,6	0	1	58	287	363	287	370	0,78
AT3G14450.1	327	PAM2	PF07145.10	18	0,00000018	23	0,2	1 1	0,00000038	0,00000038	22	0,1	1	17	55	71	55	72	0,9
AT3G14450.1	327	Peptidase_C50	PF03568.12	383	0,00026	12,3	0,3	1 1	0,0000042	0,00034	11,9	0,2	41	141	13	108	2	147	0,79
AT3G14450.1	327	Phage_coat	PF09063.5	127	0,00042	12,7	0,3	1 1	0,00013	0,0013	11,2	0	45	91	233	283	226	306	0,75
AT3G14450.1	327	RRM_1	PF00076.17	70	1,2E-25	81,7	0	1 2	2,1E-14	6,3E-14	44	0	1	65	143	205	143	210	0,95
AT3G14450.1	327	RRM_1	PF00076.17	70	1,2E-25	81,7	0	2 2	1,4E-11	4,4E-11	34,9	0	1	70	240	308	240	308	0,97
AT3G14450.1	327	RRM_5	PF13893.1	56	8,2E-13	40,7	0	1 2	0,0000037	0,000011	17,8	0	4	38	160	197	157	214	0,82
AT3G14450.1	327	RRM_5	PF13893.1	56	8,2E-13	40,7	0	2 2	0,00000047	0,0000014	20,7	0	8	56	262	312	255	312	0,94
AT3G14450.1	327	RRM_6	PF14259.1	69	2,3E-27	87,5	0	1 2	4E-13	1,2E-12	40,3	0	1	64	143	205	143	210	0,92
AT3G14450.1	327	RRM_6	PF14259.1	69	2,3E-27	87,5	0	2 2	1,4E-14	4,3E-14	45	0	1	69	240	308	240	308	0,94
AT3G19090.1	455	La	PF05383.12	61	6,6E-21	66,6	0	1 1	1,5E-21	1,5E-20	65,4	0	1	61	148	207	148	207	0,98
AT3G19090.1	455	MRP-S22	PF10245.4	243	0,00017	13,6	0	1 1	0,0000032	0,00026	13	0	59	124	123	188	113	255	0,89
AT3G19090.1	455	PAM2	PF07145.10	18	0,00000022	22,7	0,4	1 1	0,00000062	0,00000062	21,3	0,3	3	18	32	47	30	47	0,91
AT3G19090.1	455	RRM_1	PF00076.17	70	3,5E-09	28,8	0	1 1	0,000000049	0,00000015	23,6	0	4	61	241	309	238	312	0,82
AT3G19090.1	455	RRM_5	PF13893.1	56	0,00013	14,4	0,2	1 1	0,00021	0,00066	12,2	0,1	5	43	256	309	253	322	0,69
AT3G19090.1	455	RRM_6	PF14259.1	69	0,000022	17	0	1 1	0,000017	0,000053	15,8	0	2	60	239	308	238	320	0,8
AT3G49390.2	353	PAM2	PF07145.10	18	0,000000011	26,9	0,3	1 1	0,000000022	0,000000022	25,9	0,2	3	17	94	108	92	109	0,9
AT3G49390.2	353	RRM_1	PF00076.17	70	4,4E-22	70,2	0	1 2	2,7E-14	8,3E-14	43,7	0	1	65	171	233	171	238	0,95
AT3G49390.2	353	RRM_1	PF00076.17	70	4,4E-22	70,2	0	2 2	0,000000056	0,00000017	23,4	0	1	65	268	330	268	335	0,9
AT3G49390.2	353	RRM_5	PF13893.1	56	9,9E-13	40,4	0	1 2	0,00000057	0,0000018	20,4	0	5	55	189	241	185	242	0,88
AT3G49390.2	353	RRM_5	PF13893.1	56	9,9E-13	40,4	0	2 2	0,0000041	0,000013	17,7	0	8	56	290	339	286	339	0,93
AT3G49390.2	353	RRM_6	PF14259.1	69	3,7E-21	67,6	0	1 2	8,7E-13	2,7E-12	39,2	0	1	64	171	233	171	238	0,94
AT3G49390.2	353	RRM_6	PF14259.1	69	3,7E-21	67,6	0	2 2	9,8E-09	0,00000003	26,2	0	1	64	268	330	268	335	0,9
AT4G10470.1	388	PAM2	PF07145.10	18	0,0000098	17,6	5,7	1 1	0,0015	0,0015	10,7	0,1	2	17	137	152	136	153	0,86
AT4G10610.1	336	PAM2	PF07145.10	18	0,000000029	25,5	0,1	1 1	0,000000068	0,000000068	24,3	0,1	4	17	74	87	71	88	0,9
AT4G10610.1	336	Phage_coat	PF09063.5	127	0,00056	12,3	0	1 1	0,00015	0,0015	11	0	43	87	240	286	229	313	0,84
AT4G10610.1	336	RRM_1	PF00076.17	70	7,4E-24	75,9	0	1 2	2,2E-14	6,7E-14	44	0	1	65	152	214	152	219	0,95
AT4G10610.1	336	RRM_1	PF00076.17	70	7,4E-24	75,9	0	2 2	6,4E-10	0,00000002	29,6	0	1	69	249	316	249	317	0,93
AT4G10610.1	336	RRM_5	PF13893.1	56	2,1E-11	36,2	0	1 2	0,0000022	0,0000069	18,5	0	4	53	169	220	166	223	0,84
AT4G10610.1	336	RRM_5	PF13893.1	56	2,1E-11	36,2	0	2 2	0,000019	0,000058	15,5	0	8	56	271	321	264	321	0,88
AT4G10610.1	336	RRM_6	PF14259.1	69	8,8E-23	72,8	0	1 2	1E-12	3,2E-12	39	0	1	64	152	214	152	219	0,93
AT4G10610.1	336	RRM_6	PF14259.1	69	8,8E-23	72,8	0	2 2	2,1E-10	6,5E-10	31,6	0	1	64	249	312	249	317	0,9
AT4G14270.1	143	PAM2	PF07145.10	18	0,000012	17,4	0,1	1 1	0,000012	0,000012	17,4	0,1	4	13	10	19	7	21	0,88
AT4G26990.1	474	PAM2	PF07145.10	18	0,000046	15,5	0,4	1 1	0,00015	0,00015	13,9	0,3	2	17	250	265	249	266	0,91
AT4G26990.1	474	SM-ATX	PF14438.1	118	3,1E-23	75	0,4	1 1	1E-23	7,3E-23	73,9	0,3	3	101	23	120	21	134	0,89
AT4G28080.1	1819	Baculo_gp41	PF04700.7	186	0,00068	11,7	0	1 1	0,000016	0,0013	10,8	0	88	134	521	567	517	572	0,92
AT4G28080.1	1819	CLU	PF13236.1	219	0,000038	15,7	0	1 1	0,0000039	0,000078	14,7	0	2	124	351	486	350	493	0,78
AT4G28080.1	1819	eIF3_p135	PF12807.2	166	2,9E-37	120,7	4,6	1 1	2,6E-38	2,9E-37	120,7	0	2	165	721	864	720	865	0,94
AT4G28080.1	1819	PAM2	PF07145.10	18	0,00069	11,8	0,8	1 1	0,0049	0,0049	9,1	0	7	16	1671	1680	1670	1680	0,97
AT4G28080.1	1819	TPR_1	PF00515.23	34	0,00036	12,8	8,1	1 2	0,00046	0,0046	9,3	0,1	3	32	936	965	934	967	0,94

Tabela S1

ID Glyma	Tlen	Domain name	Accession	Qlen	E-value	score	bias	# of	c-Evalue	i-Evalue	score	bias	Domain		Alignment		Sequence		Prob.
													from	to	from	to	from	to	
AT4G28080.1	1819	TPR_1	PF00515.23	34	0,00036	12,8	8,1	2 2	0,0025	0,025	7	0,6	3	30	978	1005	977	1007	0,92
AT4G28080.1	1819	TPR_10	PF13374.1	42	1,6E-21	68,2	10,5	1 4	1,5E-10	1,5E-09	30,1	0,1	1	42	933	974	933	974	0,99
AT4G28080.1	1819	TPR_10	PF13374.1	42	1,6E-21	68,2	10,5	2 4	0,00032	0,0032	10,1	0	2	42	976	1016	975	1016	0,94
AT4G28080.1	1819	TPR_10	PF13374.1	42	1,6E-21	68,2	10,5	3 4	0,000000089	0,000000089	21,4	0,4	1	41	1017	1057	1017	1058	0,98
AT4G28080.1	1819	TPR_10	PF13374.1	42	1,6E-21	68,2	10,5	4 4	0,0043	0,043	6,5	0,1	1	39	1059	1097	1059	1100	0,96
AT4G28080.1	1819	TPR_11	PF13414.1	69	0,000000042	25,4	4,1	1 3	0,000098	0,00098	11,4	0,1	15	68	904	964	900	965	0,8
AT4G28080.1	1819	TPR_11	PF13414.1	69	0,000000042	25,4	4,1	2 3	0,000000097	0,000000097	21	0,8	3	67	934	1005	931	1007	0,92
AT4G28080.1	1819	TPR_11	PF13414.1	69	0,000000042	25,4	4,1	3 3	0,000023	0,00023	13,4	0,8	5	68	978	1048	974	1049	0,86
AT4G28080.1	1819	TPR_12	PF13424.1	78	9,7E-26	82,2	16,9	1 2	3,8E-17	3,8E-16	51,5	2,2	1	73	930	1003	930	1007	0,97
AT4G28080.1	1819	TPR_12	PF13424.1	78	9,7E-26	82,2	16,9	2 2	2,4E-11	2,4E-10	32,9	3,1	1	77	1014	1091	1014	1092	0,97
AT4G28080.1	1819	TPR_14	PF13428.1	44	0,0017	11,7	1,8	1 1	0,0098	0,2	5,3	0	4	28	979	1003	976	1023	0,9
AT4G28080.1	1819	TPR_16	PF13432.1	65	0,000000021	24,2	0,4	1 2	0,000012	0,00014	15,2	0	8	60	903	963	899	971	0,86
AT4G28080.1	1819	TPR_16	PF13432.1	65	0,000000021	24,2	0,4	2 2	0,0091	0,1	6	0	28	59	973	1009	965	1018	0,79
AT4G28080.1	1819	TPR_2	PF07719.12	34	0,000000021	23,2	10,4	1 2	0,0000071	0,000071	15,3	0,1	2	32	935	965	934	967	0,93
AT4G28080.1	1819	TPR_2	PF07719.12	34	0,000000021	23,2	10,4	2 2	0,0025	0,025	7,4	0,7	4	30	979	1005	977	1006	0,9
AT4G28080.1	1819	TPR_8	PF13181.1	34	0,000099	14,7	8,1	1 1	0,00032	0,0032	10	0	2	32	935	965	934	967	0,91
AT4G28080.1	1819	TPR_9	PF13371.1	73	0,0011	11,5	0,9	1 1	0,00029	0,0029	10,1	0,2	5	56	986	1045	982	1063	0,91
AT5G24440.1	320	PAM2	PF07145.10	18	3,2E-09	28,5	0,1	1 1	7,8E-09	7,8E-09	27,3	0,1	3	17	63	77	61	78	0,9
AT5G24440.1	320	RRM_1	PF00076.17	70	6,1E-26	82,5	0	1 2	1,9E-15	6E-15	47,3	0	1	70	139	206	139	206	0,98
AT5G24440.1	320	RRM_1	PF00076.17	70	6,1E-26	82,5	0	2 2	5,3E-11	1,6E-10	33,1	0	1	67	236	301	236	304	0,92
AT5G24440.1	320	RRM_5	PF13893.1	56	3,2E-14	45,2	0	1 2	0,00000001	0,000000031	26	0	1	56	153	210	153	210	0,91
AT5G24440.1	320	RRM_5	PF13893.1	56	3,2E-14	45,2	0	2 2	0,000011	0,000034	16,3	0	21	56	274	308	257	308	0,86
AT5G24440.1	320	RRM_6	PF14259.1	69	1E-25	82,2	0	1 2	3,3E-16	1E-15	50,2	0	1	69	139	206	139	206	0,96
AT5G24440.1	320	RRM_6	PF14259.1	69	1E-25	82,2	0	2 2	6,7E-10	2,1E-09	30	0	1	66	236	301	236	304	0,88
AT5G54920.2	522	PAM2	PF07145.10	18	0,00031	12,9	0,4	1 1	0,00031	0,00031	12,9	0,3	1	16	295	310	295	312	0,91
AT5G54920.2	522	SM-ATX	PF14438.1	118	2,3E-24	78,7	1	1 1	7,9E-25	5,8E-24	77,4	0,7	3	105	27	128	25	146	0,8
Glyma02g15300.1	404	La	PF05383.12	61	2,8E-21	67,8	0,2	1 1	7,2E-22	7,2E-21	66,4	0,1	1	61	101	160	101	160	0,98
Glyma02g15300.1	404	PAM2	PF07145.10	18	0,000000017	23,1	1,5	1 1	0,000000041	0,000000041	21,9	1	2	18	25	41	24	41	0,93
Glyma02g15300.1	404	RRM_1	PF00076.17	70	1,6E-09	30	0	1 1	0,000000026	0,000000079	24,5	0	4	61	194	262	191	265	0,81
Glyma02g15300.1	404	RRM_5	PF13893.1	56	0,00014	14,3	0,1	1 1	0,00013	0,00041	12,8	0,1	20	46	224	266	205	276	0,67
Glyma02g15300.1	404	RRM_6	PF14259.1	69	0,000000019	23,7	0,1	1 1	0,000000025	0,000000076	21,7	0	2	63	192	266	191	273	0,79
Glyma02g42860.1	125	PAM2	PF07145.10	18	0,000000055	18,4	1,5	1 1	0,000011	0,000011	17,4	1	3	15	6	18	5	19	0,94
Glyma02g42860.1	125	PAM2	PF07145.10	18	0,000000055	18,4	1,5	1 1	0,000011	0,000011	17,4	1	3	15	6	18	5	19	0,94
Glyma03g28760.2	105	PAM2	PF07145.10	18	0,00011	14,3	0	1 1	0,00019	0,00019	13,5	0	3	11	8	16	6	21	0,85
Glyma03g28760.2	105	PAM2	PF07145.10	18	0,00011	14,3	0	1 1	0,00019	0,00019	13,5	0	3	11	8	16	6	21	0,85
Glyma03g28760.2	105	Vps39_2	PF10367.4	109	0,00076	12,3	0	1 1	0,000027	0,0011	11,8	0	10	46	63	99	59	104	0,9
Glyma03g28760.2	105	Vps39_2	PF10367.4	109	0,00076	12,3	0	1 1	0,000027	0,0011	11,8	0	10	46	63	99	59	104	0,9
Glyma03g42541.1	476	La	PF05383.12	61	2,9E-24	77,3	0,1	1 1	6,1E-25	6,1E-24	76,3	0,1	1	61	162	221	162	221	0,97
Glyma03g42541.1	476	PAM2	PF07145.10	18	0,000000066	21,3	0,3	1 1	0,0000023	0,0000023	19,6	0,2	2	15	32	45	31	46	0,91
Glyma03g42541.1	476	RRM_1	PF00076.17	70	0,000000042	25,4	0	1 2	0,0006	0,0019	10,5	0	4	37	255	288	252	293	0,86
Glyma03g42541.1	476	RRM_1	PF00076.17	70	0,000000042	25,4	0	2 2	0,00018	0,00055	12,2	0	37	61	306	330	297	332	0,89
Glyma03g42541.1	476	RRM_5	PF13893.1	56	0,000072	15,2	0	1 1	0,0001	0,00031	13,2	0	9	43	298	330	294	341	0,83
Glyma03g42541.1	476	RRM_6	PF14259.1	69	0,0000012	21,1	0	1 1	0,0000054	0,000017	17,4	0	2	60	253	329	252	335	0,79

Tabela S1

ID Glyma	Tlen	Domain name	Accession	Qlen	E-value	score	bias	# of	c-Evalue	i-Evalue	score	bias	Domain		Alignment		Sequence		Prob.
													from	to	from	to	from	to	
Glyma04g24430.1	1855	eIF3_p135	PF12807.2	166	3,8E-37	120,3	0,3	1 1	1,6E-36	1,9E-35	114,8	0	2	165	705	852	704	853	0,91
Glyma04g24430.1	1855	PAM2	PF07145.10	18	0,000098	14,4	2,3	1 1	0,0044	0,0044	9,3	0	7	16	1677	1686	1676	1687	0,95
Glyma04g24430.1	1855	TPR_1	PF00515.23	34	0,00014	14,1	7,3	1 2	0,00047	0,0047	9,3	0,1	3	32	924	953	922	955	0,94
Glyma04g24430.1	1855	TPR_1	PF00515.23	34	0,00014	14,1	7,3	2 2	0,0025	0,025	6,9	0,6	3	30	966	993	965	995	0,92
Glyma04g24430.1	1855	TPR_10	PF13374.1	42	9,5E-22	68,9	7,8	1 3	1,6E-10	1,6E-09	30,1	0,1	1	42	921	962	921	962	0,99
Glyma04g24430.1	1855	TPR_10	PF13374.1	42	9,5E-22	68,9	7,8	2 3	0,00033	0,0033	10	0	2	42	964	1004	963	1004	0,94
Glyma04g24430.1	1855	TPR_10	PF13374.1	42	9,5E-22	68,9	7,8	3 3	0,000000012	0,00000012	24,1	0,3	1	41	1005	1045	1005	1046	0,98
Glyma04g24430.1	1855	TPR_11	PF13414.1	69	1,4E-09	30,2	1,4	1 3	0,000076	0,00076	11,8	0	15	68	892	952	888	953	0,8
Glyma04g24430.1	1855	TPR_11	PF13414.1	69	1,4E-09	30,2	1,4	2 3	0,000000088	0,00000088	21,2	0,6	3	67	922	993	919	995	0,92
Glyma04g24430.1	1855	TPR_11	PF13414.1	69	1,4E-09	30,2	1,4	3 3	0,0000034	0,000034	16,1	0,3	5	68	966	1036	962	1037	0,86
Glyma04g24430.1	1855	TPR_12	PF13424.1	78	4,8E-27	86,4	15,4	1 2	3,2E-17	3,2E-16	51,7	1,9	1	73	918	991	918	994	0,98
Glyma04g24430.1	1855	TPR_12	PF13424.1	78	4,8E-27	86,4	15,4	2 2	8,3E-13	8,3E-12	37,6	2,3	1	77	1002	1079	1002	1080	0,97
Glyma04g24430.1	1855	TPR_16	PF13432.1	65	0,00000022	24,1	0,2	1 3	0,000036	0,00041	13,7	0	9	60	892	951	887	961	0,79
Glyma04g24430.1	1855	TPR_16	PF13432.1	65	0,00000022	24,1	0,2	2 3	0,0098	0,11	5,9	0	28	59	961	997	953	1003	0,78
Glyma04g24430.1	1855	TPR_16	PF13432.1	65	0,00000022	24,1	0,2	3 3	0,007	0,08	6,4	0,2	2	59	969	1034	969	1038	0,87
Glyma04g24430.1	1855	TPR_2	PF07719.12	34	1,2E-09	30,2	7,5	1 3	0,0000072	0,000072	15,3	0,1	2	32	923	953	922	955	0,93
Glyma04g24430.1	1855	TPR_2	PF07719.12	34	1,2E-09	30,2	7,5	2 3	0,0025	0,025	7,3	0,7	4	30	967	993	965	994	0,9
Glyma04g24430.1	1855	TPR_2	PF07719.12	34	1,2E-09	30,2	7,5	3 3	0,0039	0,039	6,7	0	2	32	1007	1037	1006	1039	0,89
Glyma04g24430.1	1855	TPR_8	PF13181.1	34	0,0000034	19,3	6,6	1 2	0,00033	0,0033	9,9	0	2	32	923	953	922	955	0,91
Glyma04g24430.1	1855	TPR_8	PF13181.1	34	0,0000034	19,3	6,6	2 2	0,0056	0,056	6,1	0	2	32	1007	1037	1006	1039	0,92
Glyma04g24430.1	1855	TPR_9	PF13371.1	73	0,00013	14,5	0,5	1 1	0,00004	0,0004	12,9	0,1	5	56	974	1033	970	1053	0,91
Glyma04g28560.1	166	PAM2	PF07145.10	18	0,00000045	21,8	0,3	1 1	0,0000012	0,0000012	20,5	0,2	2	16	7	21	6	23	0,9
Glyma04g28560.1	166	PAM2	PF07145.10	18	0,00000045	21,8	0,3	1 1	0,0000012	0,0000012	20,5	0,2	2	16	7	21	6	23	0,9
Glyma04g40750.1	369	PAM2	PF07145.10	18	0,00000011	23,7	0,2	1 1	0,00000025	0,00000025	22,6	0,2	4	17	106	119	103	120	0,9
Glyma04g40750.1	369	Phage_coat	PF09063.5	127	0,000062	15,4	0,1	1 1	0,000022	0,00022	13,6	0	45	90	276	323	269	348	0,81
Glyma04g40750.1	369	RRM_1	PF00076.17	70	1,5E-26	84,5	0	1 2	1E-15	3,1E-15	48,2	0	1	68	186	251	186	253	0,95
Glyma04g40750.1	369	RRM_1	PF00076.17	70	1,5E-26	84,5	0	2 2	5,3E-11	1,6E-10	33,1	0	1	69	283	350	283	351	0,95
Glyma04g40750.1	369	RRM_5	PF13893.1	56	5,9E-16	50,7	0	1 2	4,3E-09	0,000000013	27,2	0	1	56	200	257	200	257	0,91
Glyma04g40750.1	369	RRM_5	PF13893.1	56	5,9E-16	50,7	0	2 2	0,00000032	0,00000098	21,2	0	8	56	305	355	300	355	0,92
Glyma04g40750.1	369	RRM_6	PF14259.1	69	6,9E-25	79,5	0	1 2	2,2E-13	6,9E-13	41,1	0	1	67	186	251	186	253	0,93
Glyma04g40750.1	369	RRM_6	PF14259.1	69	6,9E-25	79,5	0	2 2	7E-12	2,1E-11	36,3	0	1	64	283	346	283	351	0,91
Glyma04g40760.1	380	PAM2	PF07145.10	18	0,00000012	23,6	0,2	1 1	0,00000026	0,00000026	22,5	0,2	4	17	114	127	111	128	0,9
Glyma04g40760.1	380	Phage_coat	PF09063.5	127	0,00004	16	0,1	1 1	0,000016	0,00016	14	0	45	91	287	335	280	359	0,79
Glyma04g40760.1	380	RRM_1	PF00076.17	70	1,6E-26	84,4	0	1 2	4,8E-15	1,5E-14	46,1	0	1	68	197	262	197	264	0,95
Glyma04g40760.1	380	RRM_1	PF00076.17	70	1,6E-26	84,4	0	2 2	9,9E-12	3E-11	35,5	0	1	69	294	361	294	362	0,95
Glyma04g40760.1	380	RRM_5	PF13893.1	56	3,4E-14	45,1	0	1 2	0,000000045	0,00000014	23,9	0	4	56	214	268	211	268	0,9
Glyma04g40760.1	380	RRM_5	PF13893.1	56	3,4E-14	45,1	0	2 2	0,0000017	0,0000052	18,9	0	7	56	315	366	310	366	0,91
Glyma04g40760.1	380	RRM_6	PF14259.1	69	4,3E-24	77	0	1 2	3,6E-13	1,1E-12	40,4	0	1	67	197	262	197	264	0,94
Glyma04g40760.1	380	RRM_6	PF14259.1	69	4,3E-24	77	0	2 2	2,6E-11	8,1E-11	34,5	0	1	64	294	357	294	362	0,91
Glyma06g06030.3	579	DUF1771	PF08590.5	66	7,3E-18	57	4,1	1 1	9,2E-19	1,5E-17	56,1	2,8	2	65	418	481	417	482	0,98
Glyma06g06030.3	579	PAM2	PF07145.10	18	0,0000019	19,8	1	1 1	0,0000019	0,0000019	19,8	0,7	2	15	19	32	18	32	0,91
Glyma06g06030.3	579	Smr	PF01713.16	83	0,00000028	23,3	0,4	1 1	0,00000013	0,0000018	20,7	0,1	1	56	498	563	498	576	0,83
Glyma06g07720.1	149	PAM2	PF07145.10	18	0,000054	15,3	0,1	1 1	0,00014	0,00014	14	0,1	6	15	13	22	10	25	0,87

Tabela S1

ID Glyma	Tlen	Domain name	Accession	Qlen	E-value	score	bias	# of	c-Evalue	i-Evalue	score	bias	Domain from	Domain to	Alignment from	Alignment to	Sequence from	Sequence to	Prob.
Glyma06g14030.1	378	PAM2	PF07145.10	18	0,00000011	23,6	0,2	1 1	0,00000026	0,00000026	22,5	0,2	4	17	114	127	111	128	0,9
Glyma06g14030.1	378	Phage_coat	PF09063.5	127	0,000074	15,2	1	1 1	0,000016	0,00016	14,1	0	45	91	285	333	278	357	0,79
Glyma06g14030.1	378	RRM_1	PF00076.17	70	7,6E-27	85,4	0	1 2	2,3E-15	7,1E-15	47,1	0	1	68	195	260	195	262	0,95
Glyma06g14030.1	378	RRM_1	PF00076.17	70	7,6E-27	85,4	0	2 2	9,8E-12	3E-11	35,5	0	1	69	292	359	292	360	0,95
Glyma06g14030.1	378	RRM_5	PF13893.1	56	3,2E-15	48,4	0	1 2	4,3E-09	0,00000013	27,2	0	1	56	209	266	209	266	0,91
Glyma06g14030.1	378	RRM_5	PF13893.1	56	3,2E-15	48,4	0	2 2	0,0000017	0,0000052	18,9	0	7	56	313	364	308	364	0,91
Glyma06g14030.1	378	RRM_6	PF14259.1	69	1,4E-24	78,6	0	1 2	1,2E-13	3,6E-13	42	0	1	67	195	260	195	262	0,94
Glyma06g14030.1	378	RRM_6	PF14259.1	69	1,4E-24	78,6	0	2 2	2,6E-11	8E-11	34,5	0	1	64	292	355	292	360	0,91
Glyma06g14050.3	369	PAM2	PF07145.10	18	0,00000011	23,7	0,2	1 1	0,00000025	0,00000025	22,6	0,2	4	17	106	119	103	120	0,9
Glyma06g14050.3	369	Phage_coat	PF09063.5	127	0,000067	15,3	0,1	1 1	0,000022	0,00022	13,6	0	45	90	276	323	269	348	0,81
Glyma06g14050.3	369	RRM_1	PF00076.17	70	1,2E-25	81,5	0	1 2	6,9E-15	2,1E-14	45,6	0	1	68	186	251	186	253	0,95
Glyma06g14050.3	369	RRM_1	PF00076.17	70	1,2E-25	81,5	0	2 2	5,3E-11	1,6E-10	33,1	0	1	69	283	350	283	351	0,95
Glyma06g14050.3	369	RRM_5	PF13893.1	56	3E-15	48,5	0	1 2	0,00000021	0,00000065	25	0	1	56	200	257	200	257	0,91
Glyma06g14050.3	369	RRM_5	PF13893.1	56	3E-15	48,5	0	2 2	0,00000032	0,00000098	21,2	0	8	56	305	355	300	355	0,92
Glyma06g14050.3	369	RRM_6	PF14259.1	69	3,6E-24	77,3	0	1 2	1,1E-12	3,4E-12	38,9	0	1	67	186	251	186	253	0,93
Glyma06g14050.3	369	RRM_6	PF14259.1	69	3,6E-24	77,3	0	2 2	7E-12	2,1E-11	36,3	0	1	64	283	346	283	351	0,91
Glyma06g30000.1	1859	eIF3_p135	PF12807.2	166	6E-38	122,9	0,1	1 1	7E-38	8E-37	119,2	0	2	166	711	859	710	859	0,91
Glyma06g30000.1	1859	PAM2	PF07145.10	18	0,00026	13,1	2,3	1 1	0,0044	0,0044	9,3	0	7	16	1684	1693	1683	1694	0,95
Glyma06g30000.1	1859	TPR_1	PF00515.23	34	0,00024	13,3	8,6	1 2	0,00047	0,00047	9,3	0,1	3	32	930	959	928	961	0,94
Glyma06g30000.1	1859	TPR_1	PF00515.23	34	0,00024	13,3	8,6	2 2	0,0026	0,026	6,9	0,6	3	30	972	999	971	1001	0,92
Glyma06g30000.1	1859	TPR_10	PF13374.1	42	1E-21	68,9	7,8	1 3	1,6E-10	1,6E-09	30,1	0,1	1	42	927	968	927	968	0,99
Glyma06g30000.1	1859	TPR_10	PF13374.1	42	1E-21	68,9	7,8	2 3	0,00033	0,0033	10	0	2	42	970	1010	969	1010	0,94
Glyma06g30000.1	1859	TPR_10	PF13374.1	42	1E-21	68,9	7,8	3 3	0,00000012	0,0000012	24,1	0,3	1	41	1011	1051	1011	1052	0,98
Glyma06g30000.1	1859	TPR_11	PF13414.1	69	1,3E-09	30,3	1,4	1 3	0,000076	0,00076	11,8	0	15	68	898	958	894	959	0,8
Glyma06g30000.1	1859	TPR_11	PF13414.1	69	1,3E-09	30,3	1,4	2 3	0,00000088	0,00000088	21,2	0,6	3	67	928	999	925	1001	0,92
Glyma06g30000.1	1859	TPR_11	PF13414.1	69	1,3E-09	30,3	1,4	3 3	0,00000035	0,000035	16,1	0,3	5	68	972	1042	968	1043	0,86
Glyma06g30000.1	1859	TPR_12	PF13424.1	78	4,1E-27	86,6	15,4	1 2	3,2E-17	3,2E-16	51,7	1,9	1	73	924	997	924	1000	0,98
Glyma06g30000.1	1859	TPR_12	PF13424.1	78	4,1E-27	86,6	15,4	2 2	8,3E-13	8,3E-12	37,6	2,3	1	77	1008	1085	1008	1086	0,97
Glyma06g30000.1	1859	TPR_16	PF13432.1	65	0,00000021	24,2	0,2	1 3	0,000036	0,00041	13,7	0	9	60	898	957	893	967	0,79
Glyma06g30000.1	1859	TPR_16	PF13432.1	65	0,00000021	24,2	0,2	2 3	0,0098	0,11	5,9	0	28	59	967	1003	959	1009	0,78
Glyma06g30000.1	1859	TPR_16	PF13432.1	65	0,00000021	24,2	0,2	3 3	0,007	0,081	6,3	0,2	2	59	975	1040	975	1044	0,87
Glyma06g30000.1	1859	TPR_2	PF07719.12	34	1,1E-09	30,3	7,5	1 3	0,0000072	0,000072	15,3	0,1	2	32	929	959	928	961	0,93
Glyma06g30000.1	1859	TPR_2	PF07719.12	34	1,1E-09	30,3	7,5	2 3	0,0025	0,025	7,3	0,7	4	30	973	999	971	1000	0,9
Glyma06g30000.1	1859	TPR_2	PF07719.12	34	1,1E-09	30,3	7,5	3 3	0,0039	0,039	6,7	0	2	32	1013	1043	1012	1045	0,89
Glyma06g30000.1	1859	TPR_8	PF13181.1	34	0,000043	15,8	11	1 2	0,00033	0,0033	9,9	0	2	32	929	959	928	961	0,91
Glyma06g30000.1	1859	TPR_8	PF13181.1	34	0,000043	15,8	11	2 2	0,0056	0,056	6,1	0	2	32	1013	1043	1012	1045	0,92
Glyma06g30000.1	1859	TPR_9	PF13371.1	73	0,00013	14,4	0,5	1 1	0,00004	0,0004	12,9	0,1	5	56	980	1039	976	1059	0,91
Glyma07g03250.2	1708	Apc3	PF12895.2	84	0,00024	13,9	2,7	1 1	0,000026	0,0011	11,8	0	2	55	901	959	900	967	0,74
Glyma07g03250.2	1708	CLU	PF13236.1	219	0,00000031	19,3	0,5	1 1	0,00000095	0,000019	16,7	0	2	126	345	481	344	492	0,82
Glyma07g03250.2	1708	eIF3_p135	PF12807.2	166	1,1E-36	118,8	2,5	1 1	2E-37	2,3E-36	117,8	0	2	166	713	861	712	861	0,89
Glyma07g03250.2	1708	PAM2	PF07145.10	18	0,0000067	18,1	4,8	1 1	0,00022	0,00022	13,3	0,5	7	16	1527	1536	1526	1537	0,97
Glyma07g03250.2	1708	TPR_1	PF00515.23	34	0,0018	10,5	8,5	1 1	0,00016	0,0016	10,7	0	1	32	930	961	930	963	0,95
Glyma07g03250.2	1708	TPR_10	PF13374.1	42	8,4E-21	65,9	4,5	1 2	7,4E-11	7,4E-10	31,1	0	1	42	929	970	929	970	0,99

Tabela S1

ID Glyma	Tlen	Domain name	Accession	Qlen	E-value	score	bias	# of	c-Evalue	i-Evalue	score	bias	Domain		Alignment		Sequence		Prob.
													from	to	from	to	from	to	
Glyma07g03250.2	1708	TPR_10	PF13374.1	42	8,4E-21	65,9	4,5	2 2	3,1E-09	0,000000031	26	0,3	1	41	1013	1053	1013	1054	0,98
Glyma07g03250.2	1708	TPR_11	PF13414.1	69	4,1E-11	35	2,6	1 2	0,0000011	0,000011	17,6	0,1	13	68	898	960	890	961	0,86
Glyma07g03250.2	1708	TPR_11	PF13414.1	69	4,1E-11	35	2,6	2 2	0,000002	0,00002	16,8	0,1	6	68	975	1044	970	1045	0,86
Glyma07g03250.2	1708	TPR_12	PF13424.1	78	2,7E-27	87,2	13,2	1 2	1,6E-17	1,6E-16	52,7	1,4	1	73	926	999	926	1003	0,98
Glyma07g03250.2	1708	TPR_12	PF13424.1	78	2,7E-27	87,2	13,2	2 2	2,7E-12	2,7E-11	35,9	1,7	1	77	1010	1087	1010	1088	0,96
Glyma07g03250.2	1708	TPR_16	PF13432.1	65	0,00000003	26,8	0	1 2	0,0000018	0,00002	17,8	0	6	60	897	959	892	963	0,9
Glyma07g03250.2	1708	TPR_16	PF13432.1	65	0,00000003	26,8	0	2 2	0,0098	0,11	5,9	0	5	59	980	1042	967	1047	0,9
Glyma07g03250.2	1708	TPR_2	PF07719.12	34	4,2E-10	31,6	7,8	1 3	0,000005	0,00005	15,8	0	1	32	930	961	930	963	0,94
Glyma07g03250.2	1708	TPR_2	PF07719.12	34	4,2E-10	31,6	7,8	2 3	0,0056	0,056	6,3	0,2	6	28	977	999	973	1002	0,87
Glyma07g03250.2	1708	TPR_2	PF07719.12	34	4,2E-10	31,6	7,8	3 3	0,0023	0,023	7,4	0,1	2	32	1015	1045	1014	1047	0,9
Glyma07g03250.2	1708	TPR_8	PF13181.1	34	0,000024	16,6	9,7	1 2	0,00028	0,0028	10,2	0,1	2	32	931	961	930	963	0,91
Glyma07g03250.2	1708	TPR_8	PF13181.1	34	0,000024	16,6	9,7	2 2	0,009	0,09	5,4	0	2	32	1015	1045	1014	1047	0,92
Glyma07g03250.2	1708	TPR_9	PF13371.1	73	0,000084	15	0,4	1 1	0,000047	0,00047	12,7	0,1	5	56	982	1041	978	1059	0,91
Glyma07g04060.2	632	LsmAD	PF06741.8	72	8,7E-27	85,7	2,7	1 1	1,2E-27	1,6E-26	84,8	0,6	1	71	229	297	229	298	0,98
Glyma07g04060.2	632	PAM2	PF07145.10	18	7,4E-12	36,8	5,6	1 2	0,0000034	0,0000034	19	0,5	2	13	515	526	514	526	0,93
Glyma07g04060.2	632	PAM2	PF07145.10	18	7,4E-12	36,8	5,6	2 2	0,0000034	0,0000034	19	0,2	5	16	527	538	527	539	0,95
Glyma07g04060.2	632	SM-ATX	PF14438.1	118	5,5E-27	87,2	0	1 1	1,8E-27	1,3E-26	85,9	0	1	118	61	194	61	194	0,89
Glyma07g33140.1	399	La	PF05383.12	61	1E-20	65,9	0,2	1 1	2,2E-21	2,2E-20	64,9	0,1	1	61	99	158	99	158	0,98
Glyma07g33140.1	399	PAM2	PF07145.10	18	0,00000035	22,1	1,9	1 1	0,00000091	0,00000091	20,8	1,3	2	17	24	39	23	40	0,92
Glyma07g33140.1	399	RRM_1	PF00076.17	70	1,8E-09	29,8	0	1 1	0,00000025	0,00000078	24,5	0	4	61	192	260	189	263	0,8
Glyma07g33140.1	399	RRM_5	PF13893.1	56	0,000023	16,8	0,2	1 1	0,000035	0,00011	14,7	0,2	3	51	205	270	203	274	0,73
Glyma07g33140.1	399	RRM_6	PF14259.1	69	0,00000035	22,8	0,1	1 1	0,00000069	0,0000021	20,3	0	2	63	190	264	189	271	0,79
Glyma08g18810.1	296	PAM2	PF07145.10	18	0,000000068	24,3	0,1	1 1	0,0000002	0,0000002	22,9	0,1	2	18	32	48	31	48	0,9
Glyma08g18810.1	296	Phage_coat	PF09063.5	127	0,00048	12,5	0	1 1	0,0001	0,001	11,5	0	45	91	203	253	196	268	0,8
Glyma08g18810.1	296	RRM_1	PF00076.17	70	4E-24	76,7	0	1 2	1,1E-13	3,5E-13	41,7	0	1	65	113	175	113	180	0,94
Glyma08g18810.1	296	RRM_1	PF00076.17	70	4E-24	76,7	0	2 2	7,6E-11	2,3E-10	32,6	0	1	69	210	277	210	278	0,95
Glyma08g18810.1	296	RRM_5	PF13893.1	56	2E-16	52,3	0	1 2	3,8E-09	0,00000012	27,4	0	1	55	127	183	127	184	0,91
Glyma08g18810.1	296	RRM_5	PF13893.1	56	2E-16	52,3	0	2 2	0,00000011	0,00000034	22,7	0	8	56	232	282	224	282	0,92
Glyma08g18810.1	296	RRM_6	PF14259.1	69	9,5E-26	82,3	0	1 2	1,8E-14	5,4E-14	44,6	0	1	68	113	179	113	180	0,93
Glyma08g18810.1	296	RRM_6	PF14259.1	69	9,5E-26	82,3	0	2 2	1,3E-11	3,9E-11	35,5	0	1	69	210	278	210	278	0,93
Glyma08g22850.2	1477	Apc3	PF12895.2	84	0,0002	14,1	2	1 1	0,000016	0,00063	12,5	0	2	55	670	728	669	739	0,75
Glyma08g22850.2	1477	CLU	PF13236.1	219	0,000093	14,5	0	1 1	0,000023	0,00046	12,2	0	2	51	114	163	113	254	0,77
Glyma08g22850.2	1477	eIF3_p135	PF12807.2	166	8,5E-38	122,4	0	1 1	7,4E-39	8,5E-38	122,4	0	2	166	482	630	481	630	0,9
Glyma08g22850.2	1477	PAM2	PF07145.10	18	0,00000029	22,4	0,7	1 1	0,000079	0,000079	14,7	0,1	7	18	1296	1307	1295	1307	0,94
Glyma08g22850.2	1477	SpvB	PF03534.8	293	0,00061	11,4	0,1	1 1	0,000014	0,0011	10,5	0	140	228	1339	1427	1334	1434	0,88
Glyma08g22850.2	1477	TPR_1	PF00515.23	34	0,0046	9,3	7,3	1 1	0,00014	0,0014	10,9	0	1	32	699	730	699	732	0,95
Glyma08g22850.2	1477	TPR_10	PF13374.1	42	3E-19	61	5,1	1 2	6,3E-11	6,3E-10	31,4	0	1	42	698	739	698	739	0,99
Glyma08g22850.2	1477	TPR_10	PF13374.1	42	3E-19	61	5,1	2 2	2,6E-09	0,000000026	26,2	0,3	1	41	782	822	782	823	0,98
Glyma08g22850.2	1477	TPR_11	PF13414.1	69	5,3E-11	34,7	2,7	1 2	0,0000008	0,000008	18,1	0,1	13	68	667	729	659	730	0,87
Glyma08g22850.2	1477	TPR_11	PF13414.1	69	5,3E-11	34,7	2,7	2 2	0,0000029	0,000029	16,3	0,2	6	68	744	813	739	814	0,86
Glyma08g22850.2	1477	TPR_12	PF13424.1	78	3,4E-30	96,5	17,2	1 3	8,4E-13	8,4E-12	37,5	0,4	15	77	667	730	658	731	0,94
Glyma08g22850.2	1477	TPR_12	PF13424.1	78	3,4E-30	96,5	17,2	2 3	5,3E-17	5,3E-16	51	0,9	1	73	695	768	695	772	0,97
Glyma08g22850.2	1477	TPR_12	PF13424.1	78	3,4E-30	96,5	17,2	3 3	1,9E-12	1,9E-11	36,4	1,5	1	77	779	856	779	857	0,96

Tabela S1

ID Glyma	Tlen	Domain name	Accession	Qlen	E-value	score	bias	# of	c-Evalue	i-Evalue	score	bias	Domain		Alignment		Sequence		Prob.
													from	to	from	to	from	to	
Glyma08g22850.2	1477	TPR_16	PF13432.1	65	0,00000012	24,9	0	1 1	0,0000048	0,000055	16,4	0	6	60	666	728	661	732	0,88
Glyma08g22850.2	1477	TPR_2	PF07719.12	34	9,6E-10	30,5	6,9	1 2	0,0000043	0,000043	16	0	1	32	699	730	699	732	0,94
Glyma08g22850.2	1477	TPR_2	PF07719.12	34	9,6E-10	30,5	6,9	2 2	0,002	0,02	7,6	0,1	2	32	784	814	783	816	0,9
Glyma08g22850.2	1477	TPR_8	PF13181.1	34	0,000062	15,3	10	1 2	0,00024	0,0024	10,4	0,1	2	32	700	730	699	732	0,91
Glyma08g22850.2	1477	TPR_8	PF13181.1	34	0,000062	15,3	10	2 2	0,0076	0,076	5,7	0	2	32	784	814	783	816	0,92
Glyma08g22850.2	1477	TPR_9	PF13371.1	73	0,00085	11,8	0,4	1 1	0,00043	0,0043	9,6	0,1	5	56	751	810	747	828	0,9
Glyma08g42700.4	501	PAM2	PF07145.10	18	0,00033	12,8	2,2	1 1	0,00085	0,00085	11,5	1,5	1	17	286	302	285	303	0,94
Glyma08g42700.4	501	SM-ATX	PF14438.1	118	1,1E-21	70,1	1,9	1 1	1,8E-22	1,3E-21	69,8	0,6	2	87	38	123	37	196	0,88
Glyma11g20940.1	170	PAM2	PF07145.10	18	0,0000084	17,8	0,2	1 1	0,000017	0,000017	16,8	0,1	2	16	7	21	6	23	0,89
Glyma11g20940.1	170	PAM2	PF07145.10	18	0,0000084	17,8	0,2	1 1	0,000017	0,000017	16,8	0,1	2	16	7	21	6	23	0,89
Glyma13g42230.3	640	DUF938	PF06080.7	204	0,00021	13,4	0	1 1	0,0000053	0,00042	12,5	0	34	84	368	419	351	442	0,84
Glyma13g42230.3	640	LsmAD	PF06741.8	72	2,4E-27	87,5	0,9	1 1	1,8E-28	2,4E-27	87,5	0,6	1	71	221	291	221	292	0,98
Glyma13g42230.3	640	PAM2	PF07145.10	18	1,8E-11	35,5	10,1	1 2	0,0000013	0,0000013	20,3	0,4	2	14	524	536	523	536	0,9
Glyma13g42230.3	640	PAM2	PF07145.10	18	1,8E-11	35,5	10,1	2 2	0,0000017	0,0000017	19,9	1,3	4	17	535	548	535	549	0,92
Glyma13g42230.3	640	SM-ATX	PF14438.1	118	1,2E-28	92,5	0,1	1 1	3,9E-29	2,8E-28	91,3	0	1	118	62	186	62	186	0,86
Glyma14g05980.2	125	PAM2	PF07145.10	18	0,0000057	18,3	1,5	1 1	0,000011	0,000011	17,4	1	3	15	6	18	5	19	0,94
Glyma14g05980.2	125	PAM2	PF07145.10	18	0,0000057	18,3	1,5	1 1	0,000011	0,000011	17,4	1	3	15	6	18	5	19	0,94
Glyma14g12570.1	572	DUF1771	PF08590.5	66	2,8E-17	55,2	6,5	1 1	5,6E-18	8,9E-17	53,5	4,5	2	65	414	477	413	478	0,99
Glyma14g12570.1	572	PAM2	PF07145.10	18	0,0000055	18,4	0,6	1 1	0,0000055	0,0000055	18,4	0,4	3	15	20	32	15	32	0,91
Glyma14g12570.1	572	Smr	PF01713.16	83	0,000000088	24,9	0,5	1 1	0,000000017	0,00000023	23,6	0	1	55	491	554	491	566	0,86
Glyma15g03190.1	642	LsmAD	PF06741.8	72	3,5E-28	90,2	0,8	1 1	2,6E-29	3,5E-28	90,2	0,6	1	71	224	294	224	295	0,98
Glyma15g03190.1	642	PAM2	PF07145.10	18	1,9E-11	35,5	10,1	1 2	0,0000013	0,0000013	20,3	0,4	2	14	526	538	525	538	0,9
Glyma15g03190.1	642	PAM2	PF07145.10	18	1,9E-11	35,5	10,1	2 2	0,0000017	0,0000017	19,9	1,3	4	17	537	550	537	551	0,92
Glyma15g03190.1	642	SM-ATX	PF14438.1	118	2,4E-27	88,3	0,1	1 1	3,3E-28	2,4E-27	88,3	0	1	118	65	189	65	189	0,85
Glyma15g40060.1	296	PAM2	PF07145.10	18	0,000000075	24,2	0,1	1 1	0,0000002	0,0000002	22,9	0,1	2	18	32	48	31	48	0,9
Glyma15g40060.1	296	RRM_1	PF00076.17	70	1,9E-24	77,7	0	1 2	1,1E-13	3,5E-13	41,7	0	1	65	113	175	113	180	0,94
Glyma15g40060.1	296	RRM_1	PF00076.17	70	1,9E-24	77,7	0	2 2	3,7E-11	1,1E-10	33,6	0	1	69	210	277	210	278	0,95
Glyma15g40060.1	296	RRM_5	PF13893.1	56	3,6E-17	54,6	0	1 2	3,8E-09	0,000000012	27,4	0	1	55	127	183	127	184	0,91
Glyma15g40060.1	296	RRM_5	PF13893.1	56	3,6E-17	54,6	0	2 2	0,00000002	0,000000062	25,1	0	7	56	231	282	224	282	0,94
Glyma15g40060.1	296	RRM_6	PF14259.1	69	1,8E-25	81,4	0	1 2	1,8E-14	5,4E-14	44,6	0	1	68	113	179	113	180	0,93
Glyma15g40060.1	296	RRM_6	PF14259.1	69	1,8E-25	81,4	0	2 2	2,4E-11	7,5E-11	34,6	0	1	69	210	278	210	278	0,93
Glyma16g00765.1	628	LsmAD	PF06741.8	72	1,8E-26	84,7	1,8	1 1	2,3E-27	3,1E-26	83,9	0,6	1	71	222	290	222	291	0,98
Glyma16g00765.1	628	PAM2	PF07145.10	18	1,3E-11	36	4,1	1 2	0,0000034	0,0000034	19	0,5	2	13	510	521	509	521	0,93
Glyma16g00765.1	628	PAM2	PF07145.10	18	1,3E-11	36	4,1	2 2	0,000015	0,000015	17	0,1	5	16	522	533	522	534	0,95
Glyma16g00765.1	628	SM-ATX	PF14438.1	118	3,7E-30	97,4	0,2	1 1	1,8E-30	1,3E-29	95,7	0	1	118	63	187	63	187	0,9
Glyma17g33510.3	573	DUF1771	PF08590.5	66	4,7E-18	57,6	6,6	1 1	7,3E-19	1,2E-17	56,4	4,6	2	65	414	477	413	478	0,99
Glyma17g33510.3	573	PAM2	PF07145.10	18	0,0000013	20,3	0,8	1 1	0,0000065	0,0000065	18,1	0,6	3	15	20	32	18	32	0,89
Glyma17g33510.3	573	Smr	PF01713.16	83	0,000000039	26,1	0,5	1 1	0,000000015	0,0000002	23,8	0,1	1	54	491	553	491	569	0,85
Glyma18g11551.1	495	PAM2	PF07145.10	18	0,00028	13	2,2	1 1	0,00084	0,00084	11,5	1,5	1	17	280	296	279	297	0,94
Glyma18g11551.1	495	SM-ATX	PF14438.1	118	3,9E-22	71,5	3,9	1 1	1,2E-22	8,6E-22	70,4	2,5	2	88	27	122	26	199	0,81
Glyma19g31501.1	99	PAM2	PF07145.10	18	0,000098	14,5	0	1 1	0,00018	0,00018	13,6	0	3	11	8	16	6	21	0,85
Glyma19g31501.1	99	PAM2	PF07145.10	18	0,000098	14,5	0	1 1	0,00018	0,00018	13,6	0	3	11	8	16	6	21	0,85
Glyma19g45320.1	468	La	PF05383.12	61	2,6E-24	77,5	0,1	1 1	5,6E-25	5,6E-24	76,4	0,1	1	61	154	213	154	213	0,97

Tabela S1

ID Glyma	Tlen	Domain name	Accession	Qlen	E-value	score	bias	# of	c-Evalue	i-Evalue	score	bias	Domain		Alignment		Sequence		Prob.
													from	to	from	to	from	to	
Glyma19g45320.1	468	PAM2	PF07145.10	18	0,00000065	21,3	0,3	1 1	0,0000023	0,0000023	19,6	0,2	2	15	32	45	31	46	0,91
Glyma19g45320.1	468	RRM_1	PF00076.17	70	2,4E-09	29,4	0	1 2	0,00066	0,002	10,4	0	4	36	247	279	244	284	0,86
Glyma19g45320.1	468	RRM_1	PF00076.17	70	2,4E-09	29,4	0	2 2	0,0000093	0,000029	16,3	0	37	61	298	322	289	324	0,9
Glyma19g45320.1	468	RRM_5	PF13893.1	56	0,000019	17,1	0	1 1	0,000028	0,000086	15	0	9	43	290	322	286	327	0,83
Glyma19g45320.1	468	RRM_6	PF14259.1	69	0,00000051	22,3	0	1 1	0,0000028	0,0000085	18,4	0	2	60	245	321	244	327	0,79
LOC_Os01g11120.1	308	PAM2	PF07145.10	18	5,6E-09	27,7	0,4	1 1	0,00000053	0,00000053	24,7	0,1	4	18	40	54	37	54	0,92
LOC_Os01g11120.1	308	RRM_1	PF00076.17	70	9,3E-26	82	0	1 2	2,5E-15	7,7E-15	47	0	1	65	125	187	125	192	0,95
LOC_Os01g11120.1	308	RRM_1	PF00076.17	70	9,3E-26	82	0	2 2	5,9E-11	1,8E-10	33	0	1	66	222	286	222	290	0,94
LOC_Os01g11120.1	308	RRM_5	PF13893.1	56	4,2E-16	51,2	0	1 2	5,6E-09	0,00000017	26,8	0	1	46	139	186	139	196	0,83
LOC_Os01g11120.1	308	RRM_5	PF13893.1	56	4,2E-16	51,2	0	2 2	0,00000015	0,00000047	22,2	0	6	56	242	294	237	294	0,94
LOC_Os01g11120.1	308	RRM_6	PF14259.1	69	4,9E-27	86,4	0	1 2	4,4E-15	1,4E-14	46,6	0	1	64	125	187	125	192	0,93
LOC_Os01g11120.1	308	RRM_6	PF14259.1	69	4,9E-27	86,4	0	2 2	2,2E-12	6,9E-12	37,9	0	1	64	222	285	222	290	0,91
LOC_Os01g56110.1	312	PAM2	PF07145.10	18	0,00044	12,4	0,1	1 1	0,0015	0,0015	10,8	0	2	15	209	222	208	224	0,91
LOC_Os01g56110.1	312	RRM_1	PF00076.17	70	4,2E-39	124,7	0,2	1 2	2E-17	6,3E-17	53,7	0	1	58	31	89	31	101	0,95
LOC_Os01g56110.1	312	RRM_1	PF00076.17	70	4,2E-39	124,7	0,2	2 2	3E-22	9,3E-22	69,1	0	1	66	126	191	126	195	0,95
LOC_Os01g56110.1	312	RRM_3	PF08777.6	105	0,000002	20,3	0	1 2	0,0000047	0,00037	12,9	0	8	55	35	88	30	104	0,78
LOC_Os01g56110.1	312	RRM_3	PF08777.6	105	0,000002	20,3	0	2 2	0,0015	0,12	4,9	0	9	57	131	185	126	197	0,68
LOC_Os01g56110.1	312	RRM_5	PF13893.1	56	4,4E-20	64	0,1	1 2	2,7E-10	8,3E-10	31,1	0	1	55	45	105	45	106	0,9
LOC_Os01g56110.1	312	RRM_5	PF13893.1	56	4,4E-20	64	0,1	2 2	3,5E-10	1,1E-09	30,7	0	1	56	140	199	140	199	0,91
LOC_Os01g56110.1	312	RRM_6	PF14259.1	69	4,2E-34	109,1	0,1	1 2	1,3E-17	4E-17	54,7	0	1	60	31	91	31	100	0,91
LOC_Os01g56110.1	312	RRM_6	PF14259.1	69	4,2E-34	109,1	0,1	2 2	6,7E-17	2,1E-16	52,4	0	1	69	126	195	126	195	0,97
LOC_Os01g56110.1	312	RsbRD_N	PF14361.1	105	0,00088	12,3	0	1 1	0,000019	0,0015	11,6	0	3	55	179	231	177	238	0,89
LOC_Os02g04325.1	154	CUE	PF02845.11	42	1,4E-11	36,3	0,1	1 1	8E-13	2,1E-11	35,8	0,1	3	39	101	137	99	140	0,93
LOC_Os02g04325.1	154	PAM2	PF07145.10	18	0,00000034	25,3	2	1 1	0,00000016	0,00000016	23,2	1,1	2	17	3	18	2	19	0,9
LOC_Os02g14760.1	359	PAM2	PF07145.10	18	2,5E-10	32	0,1	1 1	7,1E-09	7,1E-09	27,4	0,1	2	17	67	82	66	83	0,91
LOC_Os02g14760.1	359	RRM_1	PF00076.17	70	6,4E-26	82,5	0	1 2	1E-14	3,1E-14	45	0	1	66	176	239	176	243	0,94
LOC_Os02g14760.1	359	RRM_1	PF00076.17	70	6,4E-26	82,5	0	2 2	1,1E-11	3,3E-11	35,3	0	1	68	273	339	273	341	0,93
LOC_Os02g14760.1	359	RRM_5	PF13893.1	56	2,1E-15	49	0	1 2	0,000000048	0,00000015	23,8	0	1	55	190	246	190	247	0,89
LOC_Os02g14760.1	359	RRM_5	PF13893.1	56	2,1E-15	49	0	2 2	0,000000093	0,00000029	22,9	0	7	56	294	345	291	345	0,94
LOC_Os02g14760.1	359	RRM_6	PF14259.1	69	1,4E-26	84,9	0	1 2	2,3E-14	7E-14	44,3	0	1	68	176	242	176	243	0,93
LOC_Os02g14760.1	359	RRM_6	PF14259.1	69	1,4E-26	84,9	0	2 2	1,3E-12	4,1E-12	38,6	0	1	65	273	337	273	341	0,91
LOC_Os02g14760.1	359	Sporozoit_P67	PF05642.6	727	0,0081	6,5	4,6	1 1	0,00013	0,01	6,2	3,2	97	208	26	132	10	187	0,71
LOC_Os02g15660.1	813	PAM2	PF07145.10	18	0,0000026	19,4	3,5	1 1	0,000095	0,000095	14,5	0,1	7	16	670	679	666	679	0,91
LOC_Os02g15660.1	813	TPR_1	PF00515.23	34	0,0055	9	3,5	1 1	0,001	0,01	8,2	0,6	3	30	3	30	2	32	0,92
LOC_Os02g15660.1	813	TPR_10	PF13374.1	42	4,2E-12	38,3	5,5	1 2	0,00024	0,0024	10,4	0	4	42	3	41	1	41	0,95
LOC_Os02g15660.1	813	TPR_10	PF13374.1	42	4,2E-12	38,3	5,5	2 2	4,7E-09	0,000000047	25,4	0,3	1	41	42	82	42	83	0,98
LOC_Os02g15660.1	813	TPR_11	PF13414.1	69	0,000008	18,1	0,5	1 1	0,000002	0,00002	16,8	0,3	6	68	4	73	2	74	0,86
LOC_Os02g15660.1	813	TPR_12	PF13424.1	78	9,1E-22	69,5	10,1	1 2	1,9E-14	1,9E-13	42,8	0,8	7	76	3	73	1	75	0,94
LOC_Os02g15660.1	813	TPR_12	PF13424.1	78	9,1E-22	69,5	10,1	2 2	1,2E-13	1,2E-12	40,3	1,5	1	77	39	116	39	117	0,97
LOC_Os02g15660.1	813	TPR_2	PF07719.12	34	0,000028	16,6	3,9	1 2	0,00099	0,0099	8,6	0,7	4	30	4	30	2	31	0,9
LOC_Os02g15660.1	813	TPR_2	PF07719.12	34	0,000028	16,6	3,9	2 2	0,0015	0,015	8	0	2	32	44	74	43	76	0,89
LOC_Os02g15660.1	813	TPR_7	PF13176.1	36	0,0037	9,8	3,1	1 1	0,00032	0,026	7,2	0,1	5	28	56	79	55	97	0,92
LOC_Os02g15660.1	813	TPR_8	PF13181.1	34	0,00023	13,6	1,8	1 1	0,0022	0,022	7,4	0	2	32	44	74	43	76	0,92

Tabela S1

ID Glyma	Tlen	Domain name	Accession	Qlen	E-value	score	bias	#	of	c-Evalue	i-Evalue	score	bias	Domain		Alignment		Sequence		Prob.
														from	to	from	to	from	to	
LOC_Os02g15660.1	813	TPR_9	PF13371.1	73	0,00014	14,3	0,2	1	1	0,000014	0,00014	14,3	0,1	5	57	11	71	7	92	0,9
LOC_Os02g27950.1	594	LsmAD	PF06741.8	72	1,1E-30	98,2	1,3	1	1	1,9E-31	2,5E-30	97	0,9	1	72	216	287	216	287	0,98
LOC_Os02g27950.1	594	PAM2	PF07145.10	18	0,000000001	30	11,3	1	2	0,0000038	0,0000038	18,9	0,9	2	14	480	492	479	492	0,9
LOC_Os02g27950.1	594	PAM2	PF07145.10	18	0,000000001	30	11,3	2	2	0,000004	0,000004	18,8	0,8	4	16	491	503	491	505	0,94
LOC_Os02g27950.1	594	SM-ATX	PF14438.1	118	3,9E-28	90,9	1,6	1	1	6,9E-29	5E-28	90,5	0	1	118	61	182	61	182	0,87
LOC_Os03g08270.1	513	PAM2	PF07145.10	18	0,000000021	25,9	3,2	1	1	0,00000044	0,00000044	24,9	0,3	2	17	13	28	12	29	0,89
LOC_Os03g08270.1	513	Smr	PF01713.16	83	0,000071	15,6	0	1	1	0,000012	0,00016	14,5	0	1	82	439	512	439	513	0,77
LOC_Os03g23010.1	177	PAM2	PF07145.10	18	0,00003	16,1	0,2	1	1	0,000056	0,000056	15,2	0,2	4	15	7	18	6	20	0,93
LOC_Os03g23010.1	177	PAM2	PF07145.10	18	0,00003	16,1	0,2	1	1	0,000056	0,000056	15,2	0,2	4	15	7	18	6	20	0,93
LOC_Os03g36900.1	429	La	PF05383.12	61	3,1E-24	77,2	0,1	1	1	5,1E-25	5,1E-24	76,5	0,1	1	61	117	176	117	176	0,98
LOC_Os03g36900.1	429	PAM2	PF07145.10	18	0,00000011	23,6	1	1	1	0,00000031	0,00000031	22,3	0,7	3	17	33	47	31	48	0,91
LOC_Os03g36900.1	429	RRM_1	PF00076.17	70	1,5E-10	33,3	0	1	1	3,9E-09	0,00000012	27,1	0	4	61	210	279	207	282	0,8
LOC_Os03g36900.1	429	RRM_5	PF13893.1	56	0,0000038	19,3	0,1	1	1	0,0000037	0,000011	17,8	0,1	20	43	253	279	223	290	0,72
LOC_Os03g36900.1	429	RRM_6	PF14259.1	69	0,000000032	26,1	0	1	1	0,00000044	0,0000014	24,1	0	2	61	208	281	207	290	0,77
LOC_Os04g53450.1	452	PAM2	PF07145.10	18	0,00000041	21,9	0,6	1	1	0,0000011	0,0000011	20,6	0,4	1	18	237	254	237	254	0,94
LOC_Os04g53450.1	452	SM-ATX	PF14438.1	118	9,3E-22	70,3	0,1	1	1	2E-22	1,5E-21	69,6	0	3	88	41	133	39	161	0,85
LOC_Os04g55230.1	1720	eIF3_p135	PF12807.2	166	4,6E-39	126,5	0	1	1	1,1E-39	1,3E-38	125,1	0	2	165	716	863	715	864	0,89
LOC_Os04g55230.1	1720	PAM2	PF07145.10	18	0,000000065	24,4	0,6	1	2	0,0018	0,0018	10,5	0,2	3	17	1442	1456	1440	1457	0,89
LOC_Os04g55230.1	1720	PAM2	PF07145.10	18	0,000000065	24,4	0,6	2	2	0,00092	0,00092	11,4	0	7	16	1535	1544	1533	1546	0,9
LOC_Os04g55230.1	1720	TPR_1	PF00515.23	34	0,0002	13,6	6,5	1	1	0,00011	0,0011	11,3	0,1	1	32	933	964	933	966	0,95
LOC_Os04g55230.1	1720	TPR_10	PF13374.1	42	5,5E-20	63,3	4,3	1	3	3,1E-10	3,1E-09	29,1	0,1	1	42	932	973	932	973	0,98
LOC_Os04g55230.1	1720	TPR_10	PF13374.1	42	5,5E-20	63,3	4,3	2	3	0,00000041	0,00000041	22,4	0,1	2	41	1017	1056	1016	1057	0,97
LOC_Os04g55230.1	1720	TPR_10	PF13374.1	42	5,5E-20	63,3	4,3	3	3	0,01	0,1	5,3	0,1	1	39	1058	1096	1058	1099	0,95
LOC_Os04g55230.1	1720	TPR_11	PF13414.1	69	4,4E-10	31,7	1,9	1	2	0,0000062	0,000062	15,3	0,1	12	68	900	963	893	964	0,82
LOC_Os04g55230.1	1720	TPR_11	PF13414.1	69	4,4E-10	31,7	1,9	2	2	0,0000056	0,000056	15,4	0,2	6	68	978	1047	973	1048	0,85
LOC_Os04g55230.1	1720	TPR_12	PF13424.1	78	1,1E-25	82,1	9,9	1	2	1,4E-16	1,4E-15	49,7	1,1	1	73	929	1002	929	1006	0,97
LOC_Os04g55230.1	1720	TPR_12	PF13424.1	78	1,1E-25	82,1	9,9	2	2	5,2E-12	5,2E-11	35	1,2	1	77	1013	1090	1013	1091	0,96
LOC_Os04g55230.1	1720	TPR_16	PF13432.1	65	0,0000089	19	0,4	1	1	0,000022	0,00025	14,4	0	28	60	930	962	901	966	0,87
LOC_Os04g55230.1	1720	TPR_2	PF07719.12	34	9,8E-10	30,5	5,9	1	3	0,0000038	0,000038	16,2	0,1	1	32	933	964	933	966	0,94
LOC_Os04g55230.1	1720	TPR_2	PF07719.12	34	9,8E-10	30,5	5,9	2	3	0,0023	0,023	7,5	0,3	6	30	980	1004	976	1006	0,87
LOC_Os04g55230.1	1720	TPR_2	PF07719.12	34	9,8E-10	30,5	5,9	3	3	0,0069	0,069	6	0	2	32	1018	1048	1017	1050	0,89
LOC_Os04g55230.1	1720	TPR_8	PF13181.1	34	0,0000018	20,2	5	1	1	0,00014	0,0014	11,1	0,1	1	32	933	964	933	966	0,93
LOC_Os04g55230.1	1720	TPR_9	PF13371.1	73	0,000015	17,4	0,2	1	1	0,0000087	0,000087	15	0,1	5	56	985	1044	981	1063	0,91
LOC_Os05g27780.1	173	PAM2	PF07145.10	18	0,00034	12,7	0	1	1	0,00078	0,00078	11,6	0	5	17	9	21	8	22	0,92
LOC_Os05g27780.1	173	PAM2	PF07145.10	18	0,00034	12,7	0	1	1	0,00078	0,00078	11,6	0	5	17	9	21	8	22	0,92
LOC_Os06g09890.1	531	DUF1771	PF08590.5	66	2,8E-16	52	5,2	1	1	4,4E-17	7E-16	50,7	3,6	2	65	377	440	376	441	0,99
LOC_Os06g09890.1	531	PAM2	PF07145.10	18	0,00000021	22,8	1,4	1	1	0,0000008	0,0000008	21	0,3	6	17	24	35	22	35	0,91
LOC_Os06g09890.1	531	Smr	PF01713.16	83	0,000000025	26,7	0,3	1	1	4,4E-09	0,00000059	25,5	0,2	1	68	451	521	451	529	0,83
LOC_Os06g25540.1	419	PAM2	PF07145.10	18	0,00045	12,4	0,2	1	1	0,0016	0,0016	10,6	0,1	2	17	313	328	312	328	0,89
LOC_Os06g35030.3	362	PAM2	PF07145.10	18	0,000000074	24,2	0,2	1	1	0,00021	0,00021	16,5	0,6	3	15	68	80	66	80	0,9
LOC_Os06g35030.3	362	RRM_1	PF00076.17	70	4,9E-24	76,4	0	1	2	2,3E-14	7,1E-14	43,9	0	1	65	179	241	179	246	0,94
LOC_Os06g35030.3	362	RRM_1	PF00076.17	70	4,9E-24	76,4	0	2	2	9,3E-10	2,9E-09	29,1	0	1	65	276	339	276	344	0,93
LOC_Os06g35030.3	362	RRM_5	PF13893.1	56	7,9E-13	40,7	0	1	2	0,000000034	0,0000001	24,3	0	1	55	193	249	193	250	0,9

Tabela S1

ID Glyma	Tlen	Domain name	Accession	Qlen	E-value	score	bias	# of	c-Evalue	i-Evalue	score	bias	Domain from to	Alignment from to	Sequence from to	Prob.
LOC_Os06g35030.3	362	RRM_5	PF13893.1	56	7,9E-13	40,7	0	2 2	0,000049	0,00015	14,2	0	7 56	297 348	296 348	0,91
LOC_Os06g35030.3	362	RRM_6	PF14259.1	69	2,1E-22	71,6	0	1 2	3,9E-13	1,2E-12	40,3	0	1 68	179 245	179 246	0,93
LOC_Os06g35030.3	362	RRM_6	PF14259.1	69	2,1E-22	71,6	0	2 2	1,2E-09	3,7E-09	29,1	0	1 64	276 339	276 344	0,91
LOC_Os06g49200.1	184	CUE	PF02845.11	42	0,00000066	21,4	2,2	1 1	0,000000025	0,00000067	21,4	0,2	8 38	63 93	58 97	0,89
LOC_Os06g49200.1	184	PAM2	PF07145.10	18	0,00000046	21,7	0,1	1 1	0,0000012	0,0000012	20,4	0	3 17	4 18	2 19	0,9
LOC_Os07g01260.1	438	La	PF05383.12	61	2,3E-24	77,6	0,1	1 1	4,4E-25	4,4E-24	76,7	0,1	1 61	119 178	119 178	0,98
LOC_Os07g01260.1	438	PAM2	PF07145.10	18	0,000004	18,8	1,8	1 1	0,0000064	0,0000064	18,2	0,5	2 15	36 49	35 51	0,91
LOC_Os07g01260.1	438	PTS_2-RNA	PF01885.11	186	0,00017	13,5	0	1 1	0,0000038	0,0003	12,7	0	26 63	143 180	139 203	0,94
LOC_Os07g01260.1	438	RRM_1	PF00076.17	70	8,4E-11	34	0,3	1 1	2,4E-09	7,5E-09	27,8	0,1	4 61	212 281	209 284	0,81
LOC_Os07g01260.1	438	RRM_5	PF13893.1	56	0,00000041	22,4	0,5	1 1	0,00000057	0,0000018	20,4	0,3	3 43	225 281	223 292	0,83
LOC_Os07g01260.1	438	RRM_6	PF14259.1	69	0,000000018	26,9	0	1 1	0,000000014	0,000000044	25,7	0	2 61	210 283	209 292	0,81
LOC_Os07g46670.2	154	PAM2	PF07145.10	18	0,00000087	20,9	1	1 1	0,0000017	0,0000017	20	0,7	3 15	6 18	5 20	0,92
LOC_Os07g46670.2	154	PAM2	PF07145.10	18	0,00000087	20,9	1	1 1	0,0000017	0,0000017	20	0,7	3 15	6 18	5 20	0,92
LOC_Os08g02330.1	302	Cytomega_UL84	PF06284.6	530	0,00064	10,7	0,2	1 1	0,000011	0,00091	10,2	0,1	11 52	75 116	69 141	0,82
LOC_Os08g02330.1	302	PAM2	PF07145.10	18	0,000000081	24,1	0,1	1 1	0,00000019	0,00000019	22,9	0,1	4 17	33 46	30 47	0,91
LOC_Os08g02330.1	302	Phage_coat	PF09063.5	127	0,00021	13,7	0	1 1	0,00006	0,0006	12,2	0	45 90	209 256	201 282	0,84
LOC_Os08g02330.1	302	RRM_1	PF00076.17	70	1,1E-26	84,9	0	1 2	4E-16	1,2E-15	49,5	0	1 66	119 182	119 186	0,94
LOC_Os08g02330.1	302	RRM_1	PF00076.17	70	1,1E-26	84,9	0	2 2	8,4E-11	2,6E-10	32,5	0	1 69	216 283	216 284	0,94
LOC_Os08g02330.1	302	RRM_5	PF13893.1	56	4,7E-16	51,1	0	1 2	2,9E-10	9,1E-10	30,9	0	1 55	133 189	133 190	0,91
LOC_Os08g02330.1	302	RRM_5	PF13893.1	56	4,7E-16	51,1	0	2 2	0,0000032	0,0000097	18	0	8 56	238 288	234 288	0,85
LOC_Os08g02330.1	302	RRM_6	PF14259.1	69	7,5E-27	85,8	0	1 2	3,7E-15	1,1E-14	46,8	0	1 68	119 185	119 186	0,94
LOC_Os08g02330.1	302	RRM_6	PF14259.1	69	7,5E-27	85,8	0	2 2	4E-12	1,2E-11	37,1	0	1 65	216 280	216 284	0,91
LOC_Os08g06130.1	718	PAM2	PF07145.10	18	0,0009	11,4	1,8	1 1	0,0027	0,0027	9,9	0,1	1 14	14 27	14 31	0,87
LOC_Os09g03780.1	143	CUE	PF02845.11	42	1,5E-12	39,5	0,1	1 1	7,8E-14	2,1E-12	39	0,1	3 39	100 136	98 139	0,93
LOC_Os09g03780.1	143	PAM2	PF07145.10	18	0,000000013	26,6	2,2	1 1	0,000000055	0,000000055	24,6	1,2	2 17	3 18	2 19	0,9
LOC_Os09g14550.1	316	PAM2	PF07145.10	18	6,3E-17	52,7	0	1 3	0,000000027	0,000000027	25,6	0	4 16	21 33	18 35	0,88
LOC_Os09g14550.1	316	PAM2	PF07145.10	18	6,3E-17	52,7	0	2 3	0,0015	0,0015	10,8	0	3 15	49 61	47 63	0,86
LOC_Os09g14550.1	316	PAM2	PF07145.10	18	6,3E-17	52,7	0	3 3	0,00052	0,00052	12,2	0	5 14	96 105	94 105	0,9
LOC_Os09g14550.1	316	RRM_1	PF00076.17	70	5,8E-21	66,6	0	1 2	7,5E-15	2,3E-14	45,4	0	1 68	162 228	162 230	0,92
LOC_Os09g14550.1	316	RRM_1	PF00076.17	70	5,8E-21	66,6	0	2 2	0,0000012	0,0000037	19,2	0	13 64	252 302	246 308	0,83
LOC_Os09g14550.1	316	RRM_5	PF13893.1	56	1,5E-12	39,9	0	1 2	0,000000021	0,00000065	25	0	1 56	176 234	176 234	0,9
LOC_Os09g14550.1	316	RRM_5	PF13893.1	56	1,5E-12	39,9	0	2 2	0,00015	0,00047	12,6	0	8 52	262 308	258 313	0,85
LOC_Os09g14550.1	316	RRM_6	PF14259.1	69	1,4E-18	59,4	0	1 2	5,1E-12	1,6E-11	36,7	0	1 59	162 220	162 228	0,9
LOC_Os09g14550.1	316	RRM_6	PF14259.1	69	1,4E-18	59,4	0	2 2	0,00000061	0,0000019	20,5	0	8 67	247 306	245 308	0,84

Tabela S2

Spot	Gene ID	mDr1_WW1logFC	fmDr10-fWW1logFC	pDr-fWW1logFC	mDr1_WW1P.Value	fmDr10-fWW1P.Value	pDr-fWW1P.Value
245075_at	AT2G23180	0,509240135	0,025202632	0,473255209	0,090779889	0,927231969	0,11218413
245096_at	AT2G40880	0,484145406	0,840596023	0,321301891	0,0340809	0,001947198	0,131425821
245249_at	AT4G16760	0,176349496	0,270883475	1,75683959	0,499149674	0,307733952	6,90E-05
245252_at	AT4G17500	-0,263504	0,865081761	1,005060891	0,795354051	0,403412135	0,335052837
245253_at	AT4G15440	-0,231522782	-0,044835237	-0,49258085	0,812702828	0,963343492	0,616242949
245349_at	AT4G16690	-0,117076343	0,247720413	2,428291591	0,864797025	0,719444019	0,005636788
245483_at	AT4G16190	0,673131126	1,04669499	1,084827926	0,006178713	0,000380059	0,000295045
245583_at	AT4G14920	-0,216929864	-0,166380111	-0,406797537	0,107587156	0,203429871	0,008666352
245602_at	AT4G14270	0,347596661	0,503668263	0,770821626	0,213937021	0,084889724	0,016066697
245971_at	AT5G20730	0,124025272	0,220681722	0,072936117	0,438826115	0,183708441	0,645092383
245989_s_at	AT5G20620	0,489804205	0,503566042	0,59196841	0,05569354	0,050381025	0,026409969
246044_at	AT5G19450	-0,072196919	0,483048788	0,48870103	0,654959802	0,013181316	0,012442215
246076_at	AT5G20280	0,03337905	0,139521327	0,853131846	0,871267202	0,503573668	0,002206533
246233_at	AT4G36550	-0,367884344	0,467024546	-0,723518383	0,110662077	0,051527468	0,007090505
246276_at	AT4G37270	0,194318047	-0,124626968	-0,029789172	0,264895307	0,465050388	0,859299391
247065_s_at	AT5G66900	-0,31500471	0,27868852	-0,68946471	0,205014606	0,257451153	0,015434238
247073_at	AT5G66570	0,021087115	0,021131122	-0,294763597	0,845142163	0,844823808	0,020745893
247079_at	AT5G66055	-0,353744986	-0,405387905	-0,537850899	0,049529011	0,028871932	0,007402085
247080_at	AT5G66140	0,215433784	0,053865104	0,184721409	0,24062179	0,760378922	0,309288998
247096_at	AT5G66430	-0,123621874	-0,296942667	-0,249136977	0,22361915	0,012165257	0,027481114
247117_at	AT5G65940	0,043168213	0,408219627	0,397732803	0,738292864	0,010112706	0,011547437
247176_at	AT5G65110	0,312306506	0,648521017	1,842466134	0,120796873	0,006279533	3,79E-06
247219_at	AT5G64920	0,087490643	-0,174040185	-0,115137757	0,409909908	0,120109538	0,284927408
247277_at	AT5G64420	-0,20132574	-0,083394312	-0,087779931	0,160550968	0,541744551	0,521190794
247806_at	AT5G58270	-0,135580146	-0,071087243	0,046465456	0,292751045	0,572140023	0,710452271
247864_s_at	AT5G57890	-0,240411515	-0,104333974	-0,599303348	0,324629156	0,661677028	0,029215864
247884_at	AT5G57800	-0,406999115	-0,21520723	-0,503256487	0,079835637	0,32312761	0,037462505
247929_at	AT5G57330	-0,014301959	-0,054834736	-0,683112709	0,887497902	0,590532239	7,41E-05
247989_at	AT5G56350	-0,031641224	-0,552675377	0,158675786	0,849909358	0,008079897	0,354511798
248045_at	AT5G56030	-0,076902674	-0,348574603	-0,400690972	0,826776531	0,334094161	0,270920646
248070_at	AT5G55660	0,029394097	0,258924933	0,016247542	0,851144083	0,123650823	0,917325177
248200_at	AT5G54160	0,480491553	0,358602073	1,672472425	0,106287663	0,21296086	0,000162047

Tabela S2

Spot	Gene ID	mDr1_WW1logFC	fmDr10-fWW1logFC	pDr-fWW1logFC	mDr1_WW1P.Value	fmDr10-fWW1P.Value	pDr-fWW1P.Value
248472_at	AT5G50860	-0,18647805	-0,073494632	-0,227671854	0,123770792	0,519631392	0,068211782
248487_at	AT5G51070	0,24129084	1,169015329	2,610219302	0,207527788	0,00011103	1,68E-07
248608_at	AT5G49460	-0,158757085	-0,58694793	-0,83178903	0,446864153	0,016778959	0,002525381
248769_at	AT5G47730	-0,034022622	-0,15711527	1,000232445	0,903353948	0,578322498	0,005319651
248772_at	AT5G47800	0,231520904	0,260643516	0,033210073	0,292615441	0,240006742	0,876065541
249087_at	AT5G44210	-0,145606148	-0,567671773	-0,261190165	0,511813374	0,026311572	0,25188802
249208_at	AT5G42650	-0,033711393	-0,055350489	-0,69562544	0,956207943	0,928170248	0,274313682
249237_at	AT5G42050	0,425774536	0,841751224	2,658391669	0,101805659	0,005861213	1,43E-06
249405_at	AT5G40280	0,269750432	-0,084058787	0,010711308	0,024683084	0,421654061	0,916884533
249581_at	AT5G37600	0,218226481	1,735502312	-0,4288728	0,471841055	0,000227154	0,174448061
249717_at	AT5G35730	0,032592141	-0,082586155	-0,101233043	0,839393407	0,609910478	0,533278514
249739_at	AT5G24520	0,155770906	0,204163379	-0,791500131	0,499115262	0,38019297	0,006131937
250143_at	AT5G14670	0,053054243	0,061590214	0,060450635	0,648246322	0,59717111	0,603864512
250207_at	AT5G13930	0,139533519	2,525352794	1,963816149	0,858828862	0,009293944	0,03032687
250253_at	AT5G13640	-0,019641364	0,064534167	0,064470816	0,929293789	0,771143708	0,77136102
250373_at	AT5G11470	-0,031765208	-0,125042145	-0,06676794	0,802032938	0,336195211	0,600506342
250397_at	AT5G10980	-0,091029777	-0,180024864	-0,248089709	0,567924865	0,271447137	0,141110714
250738_at	AT5G05730	-0,345064999	-0,609402245	-1,35769773	0,539178724	0,289019884	0,033651738
250781_at	AT5G05410	0,609193029	-0,858566679	3,262212872	0,171780141	0,066170243	2,61E-05
250827_at	AT5G05170	-0,002671609	0,158415993	-0,562480446	0,980898104	0,17888624	0,000616894
250899_at	AT5G03340	-0,033657934	-0,284164397	0,900287886	0,820216174	0,080163196	0,00016183
250906_at	AT5G03650	-0,276568006	-0,556186587	-0,701472662	0,023029881	0,000398042	7,31E-05
250995_at	AT5G02500	-0,102088531	0,633335752	0,641649414	0,601094741	0,008601113	0,008026452
251175_at	AT3G63250	0,024043199	0,354604529	0,23396046	0,838468791	0,01312839	0,072091677
251182_at	AT3G62600	0,074827972	-0,23366026	-0,879264486	0,625793925	0,149844663	0,000238812
251237_at	AT3G62420	-0,285370117	0,340999746	1,01574934	0,208250151	0,139854543	0,000989558
251272_at	AT3G61890	0,918691162	1,757523309	5,353912868	0,022876184	0,000557044	8,10E-08
251454_at	AT3G60080	0,078800457	0,196345501	0,639830614	0,830254306	0,595824053	0,107287392
251494_at	AT3G59350	-0,627881971	-2,275524905	-0,48956514	0,653593007	0,127370523	0,72578754
251503_at	AT3G59140	0,156808033	0,258359062	-0,458510606	0,160808794	0,033147329	0,001624963
251553_at	AT3G58710	0,086918046	0,123173915	0,216098526	0,793793244	0,711631135	0,52009627
251847_at	AT3G54640	-0,135504453	-0,627311472	-1,375905407	0,472639911	0,007248811	3,69E-05

Tabela S2

Spot	Gene ID	mDr1_WW1logFC	fmDr10-fWW1logFC	pDr-fWW1logFC	mDr1_WW1P.Value	fmDr10-fWW1P.Value	pDr-fWW1P.Value
251870_at	AT3G54510	-0,103151285	-0,146862002	0,207823008	0,468310799	0,309233779	0,161859988
252056_at	AT3G52590	-0,209923409	-0,110927894	-0,435979529	0,091399335	0,343480934	0,003584651
252131_at	AT3G50930	0,217510782	0,467704531	1,543503425	0,289956468	0,039120622	2,55E-05
252414_at	AT3G47420	-0,172920908	0,984988529	2,358581866	0,82563598	0,228971455	0,01315169
252618_at	AT3G45140	0,114717194	-0,334630151	-1,74270518	0,865715888	0,6240152	0,02718742
252678_s_at	AT3G44300	0,310057568	-0,080685994	-0,395690987	0,444107813	0,83958825	0,333834937
252927_at	AT4G39090	0,147210299	0,109653597	0,457784039	0,461597243	0,58073945	0,040893556
252943_at	AT4G39330	0,17386102	-0,637586765	-0,19118364	0,733357457	0,230022373	0,708154532
252983_at	AT4G37980	0,429892096	0,316901634	1,890060008	0,047151631	0,124112353	3,77E-06
253358_at	AT4G32940	0,670995042	3,077773657	2,338574238	0,008957279	1,20E-07	1,21E-06
253399_at	AT4G32850	0,14137404	0,338057753	0,351101503	0,411872207	0,070198045	0,061765463
253481_at	AT4G31990	-0,166042631	-0,61801232	-0,302780407	0,247976085	0,001357519	0,051125186
253534_at	AT4G31500	-0,517306289	0,021557041	-0,843578258	0,316401108	0,965680996	0,11803203
253550_at	AT4G30960	0,554024534	0,88349837	1,844748877	0,15469116	0,035392421	0,000618668
253921_at	AT4G26900	-0,289238187	-0,623326425	-1,155395698	0,099840628	0,003438055	4,89E-05
254097_at	AT4G25160	-0,046615879	-0,009669919	0,219381181	0,653145519	0,925299392	0,057009331
254224_at	AT4G23650	-0,00654198	0,064327795	0,040315834	0,94696097	0,518208229	0,683284152
254340_at	AT4G22120	0,042841107	-0,222339157	-0,470210643	0,840688538	0,311163114	0,049796271
254592_at	AT4G18880	0,058869088	1,001001339	0,816697081	0,787204159	0,001137445	0,004004759
254723_at	AT4G13510	0,017655432	0,081579477	-1,186494565	0,940131526	0,729451582	0,000611039
255132_at	AT4G08170	0,032795998	-0,662951825	0,047068341	0,95824466	0,30512177	0,9401075
255220_at	AT4G05320	0,07744298	0,527811281	0,145646091	0,62393316	0,007376954	0,364873446
255310_at	AT4G04955	-0,033176004	2,630528468	-1,075930447	0,901560911	3,91E-06	0,002689448
255457_at	AT4G02770	-0,05069989	0,056019056	-0,679733479	0,637555723	0,603205548	0,000117467
255552_at	AT4G01850	0,237754127	0,37459996	0,513459774	0,053708448	0,006883946	0,001026669
255782_at	AT1G19850	0,093295322	0,040053224	0,009899137	0,524856404	0,782789956	0,945562468
255787_at	AT2G33590	0,266637282	1,087931878	4,583476665	0,345134296	0,002931275	4,56E-08
255894_at	AT1G17980	0,157525661	0,067654923	-0,078567975	0,175357486	0,54282636	0,481399949
256186_at	AT1G51680	0,28896625	0,022660804	1,40875104	0,542892376	0,961523825	0,013368518
256294_at	AT1G69450	0,361066324	1,09688977	1,228483984	0,139511304	0,00086274	0,000397296
256310_at	AT1G30360	0,515789359	0,117445223	0,555039352	0,185521134	0,751297303	0,157385409
256321_at	AT1G55020	0,213490607	0,264294145	0,912058126	0,20127203	0,122214947	0,000249586

Tabela S2

Spot	Gene ID	mDr1_WW1logFC	fmDr10-fWW1logFC	pDr-fWW1logFC	mDr1_WW1P.Value	fmDr10-fWW1P.Value	pDr-fWW1P.Value
256403_at	AT3G06190	0,095852183	0,293712671	0,49864086	0,417602846	0,028964431	0,001752908
256417_s_at	AT3G111170	-0,109488117	-0,490348166	-1,830781945	0,672840023	0,082914392	5,11E-05
256516_at	AT1G66150	-0,262954332	-0,113310365	-1,582524681	0,085088239	0,425376756	1,18E-06
256756_at	AT3G25610	-0,244586567	0,676620177	0,206679438	0,412681676	0,041909551	0,486355561
256804_at	AT3G20920	0,193018542	0,101999146	0,365379733	0,128113705	0,398399283	0,011513936
256870_at	AT3G26300	-0,016576305	0,39329796	0,496131993	0,936745546	0,085377602	0,037685035
257275_at	AT3G14450	0,213011221	-0,081067075	-0,079366132	0,245136644	0,647073926	0,653907905
257746_at	AT3G29200	0,157170369	0,248534437	0,903693885	0,653464904	0,481609361	0,026038815
257758_at	AT3G22980	-0,126231205	-0,050292066	0,131822903	0,4969716	0,784259531	0,478641943
257790_at	AT3G27090	0,216580761	0,600400858	0,381065672	0,344012901	0,022125282	0,113113503
258005_at	AT3G19390	0,043485943	0,166974331	0,743162607	0,807460755	0,360609018	0,002119084
258063_at	AT3G14620	-0,056167832	0,933907822	0,445460583	0,917576325	0,111130013	0,420691029
258094_at	AT3G14690	0,202281943	-0,31825	0,798677865	0,414088157	0,21114817	0,008332473
258110_at	AT3G14610	0,053731729	0,089490358	0,30888333	0,655606605	0,462201129	0,0268277
258132_at	AT3G24550	-0,135350247	0,111325985	0,370235835	0,508368106	0,58488822	0,092709238
258206_at	AT3G14010	-0,031014352	0,551515336	0,996848797	0,777008558	0,000610762	7,05E-06
258489_at	AT3G02520	0,070071485	0,032526776	0,49236791	0,75848253	0,88625623	0,053434324
258555_at	AT3G06860	0,192016723	0,390781802	0,952633589	0,307841421	0,055739334	0,000485425
259161_at	AT3G01500	-0,274341003	-1,436324671	-2,110627873	0,181809273	3,80E-05	1,72E-06
259341_at	AT3G03740	0,070466309	0,330395793	0,325745591	0,783870244	0,218229889	0,224227364
259707_at	AT1G77490	-0,359258713	-0,863946049	-1,068421408	0,052233909	0,000470716	0,000101506
259723_at	AT1G60960	0,544307541	0,809094997	0,254627831	0,004963269	0,000396159	0,116613053
259761_at	AT1G77590	-0,140612335	-0,570338688	-1,115041989	0,518051802	0,023652012	0,000505152
259816_at	AT1G49850	-0,090167201	0,147794774	-0,400003228	0,661240188	0,476752671	0,075872316
259932_at	AT1G34370	0,017512794	0,356579244	0,647926203	0,880065073	0,011821265	0,000301465
260006_at	AT1G68000	0,051919677	0,134426955	-0,329731337	0,822495544	0,564631504	0,17693922
260244_at	AT1G74320	-0,505283147	-0,056640565	-0,855267887	0,138629847	0,85929258	0,022696933
260287_at	AT1G80440	0,650605592	1,388896381	0,553489706	0,067498125	0,001691563	0,110721699
260291_at	AT1G63700	-0,228781877	-0,107805984	-0,015181953	0,0728494	0,362811153	0,895529666
260581_at	AT2G47190	0,297487983	0,412301152	1,446865234	0,095615372	0,029902008	9,25E-06
260592_at	AT1G55850	0,072417172	0,752143583	-1,209576587	0,665272146	0,001277467	4,27E-05
260746_at	AT1G78380	0,313258255	-0,161342487	0,172426147	0,024867762	0,198491018	0,172151299

Tabela S2

Spot	Gene ID	mDr1_WW1logFC	fmDr10-fWW1logFC	pDr-fWW1logFC	mDr1_WW1P.Value	fmDr10-fWW1P.Value	pDr-fWW1P.Value
260880_at	AT1G21380	-0,076120227	0,051651779	0,096452779	0,532403367	0,669892469	0,432031248
260939_at	AT1G45180	-0,257553686	-0,24548169	-0,486359203	0,047824936	0,056938115	0,001982832
260988_at	AT1G53570	-0,251916049	0,221360714	0,954759676	0,188418813	0,242524399	0,000464792
261062_at	AT1G07530	0,379840352	1,078862444	1,370439957	0,09802514	0,000562949	0,000100844
261315_at	AT1G53170	0,427534186	0,735021747	1,967042525	0,052787586	0,004103212	3,34E-06
261564_at	AT1G01720	0,481566683	0,444247794	2,97997605	0,214392438	0,248981808	1,92E-05
261709_at	AT1G32790	0,188389417	0,25709241	0,619619605	0,297352486	0,165666455	0,005577501
261792_at	AT1G15950	0,181071544	0,391427474	0,778964478	0,582841162	0,249670255	0,037156662
261874_at	AT1G50640	0,108366746	0,029212145	0,479413327	0,384069728	0,81062783	0,003009076
262064_at	AT1G56070	-0,224285935	-0,109457222	-0,297733209	0,071652598	0,344465015	0,024177252
262514_at	AT1G34190	-0,026458392	0,258660584	0,224078882	0,863180715	0,1175811	0,167902241
262577_at	AT1G15290	-0,240554773	0,235384868	-0,456538367	0,271781186	0,281515098	0,05376558
262913_at	AT1G59960	0,004956813	0,413418691	-0,881112316	0,972171987	0,015493609	0,000141376
263406_at	AT2G04160	0,635502466	0,174170257	1,311787593	0,060990425	0,571022039	0,001733734
263584_at	AT2G17040	-0,472396652	1,008194369	0,734501582	0,087828637	0,002817397	0,015705292
263716_at	AT2G20580	-0,005890967	0,094778231	0,208902729	0,95769481	0,403240355	0,085663701
263757_at	AT2G21430	0,337768934	0,141010693	0,248882623	0,047280525	0,36171773	0,124495586
263845_at	AT2G37040	0,10898722	0,340196969	1,839399627	0,83670422	0,524495992	0,006117431
263924_at	AT2G36530	-0,151356927	-0,449200735	-0,475086078	0,485836347	0,059828192	0,04891591
264006_at	AT2G22430	0,258614314	0,840645776	0,501727284	0,186724807	0,001267422	0,021921728
264372_at	AT1G11840	0,559175339	0,24919744	0,490139589	0,003576719	0,114041791	0,007516293
264628_at	AT1G65540	-0,024637553	0,047275933	0,001565587	0,84868983	0,715078473	0,990316457
265718_at	AT2G03340	-0,051088736	-0,157479104	-1,637427909	0,805066281	0,453602776	2,17E-05
265817_at	AT2G18050	1,612199606	2,67899768	2,998762861	8,90E-05	1,57E-06	6,12E-07
266099_at	AT2G38040	-0,249526132	-0,06004127	-0,219434144	0,367243355	0,824326553	0,425352345
266207_at	AT2G27680	0,063537325	-0,431787257	-1,065643256	0,697856309	0,023829283	9,51E-05
266260_at	AT2G27600	0,125939278	0,049002096	-0,227560207	0,354118444	0,712530589	0,111708455
266284_at	AT2G29190	-0,111691965	0,263254965	-0,07132517	0,548169777	0,175893202	0,699563248
266327_at	AT2G46680	1,834440493	1,506221858	5,254695825	2,63E-05	0,000118494	3,92E-09
266743_at	AT2G02990	1,359724858	0,414518591	0,466213148	0,000353502	0,121617424	0,086861945
266849_at	AT2G25940	0,019321948	0,395185774	0,518954801	0,908927942	0,0399708	0,011835879
267078_at	AT2G40960	-0,294545248	-0,740683336	-0,756448617	0,217423017	0,008922234	0,007981475

Tabela S2

Spot	Gene ID	mDr1_WW1logFC	fmDr10-fWW1logFC	pDr-fWW1logFC	mDr1_WW1P.Value	fmDr10-fWW1P.Value	pDr-fWW1P.Value
267104_at	AT2G41430	-0,304633668	0,476471246	0,24512001	0,272981907	0,101425207	0,371887692
267141_at	AT2G38090	-0,147270019	0,727689475	0,015521369	0,342452441	0,000835848	0,918149955
267373_at	AT2G26280	-0,11892418	0,299933585	0,77984885	0,469676734	0,089839653	0,00084004
267377_at	AT2G26250	0,001166097	-0,181527499	-0,020701408	0,99711639	0,577244104	0,948849251
267486_at	AT2G02800	0,146974893	0,373272851	-0,133532265	0,374527348	0,04211327	0,417920779
267490_at	AT2G19130	-0,064842432	0,641883077	0,18463595	0,7609765	0,01292872	0,395333847
267509_at	AT2G45660	0,115811729	0,472104876	0,975355582	0,57081007	0,040471838	0,000835138
267568_at	AT2G30780	0,058751307	-0,088244806	-0,038506809	0,531451358	0,354025616	0,679695073
267607_s_at	AT2G26740	0,538284599	0,549563841	0,992284762	0,014541914	0,01313771	0,00036632

Tabela S3

Spot	Gene ID	S19WTlogFC	S23WTlogFC	S25WTlogFC	S19WTP.Value	S23WTP.Value	S25WTP.Value
GmaAffx.90028.1.S1_s_at	Glyma04g38560.1	2,141952089	3,903866323	6,003936054	0,011059187	0,000485829	3,67E-05
Gma.12222.1.A1_at	Glyma13g10490.1	2,258033807	2,683586567	5,295972058	1,35E-05	4,53E-06	5,63E-08
GmaAffx.67622.1.S1_at	Glyma04g40750.1	2,493075232	2,260076949	4,210060365	8,69E-06	1,61E-05	3,02E-07
Gma.5519.3.S1_a_at	Glyma06g16440.1	1,516554327	1,756387664	3,857526364	0,000192702	7,95E-05	5,50E-07
GmaAffx.26561.1.S1_at	Glyma17g03070.3	-0,191272844	1,032350999	3,709092572	0,80456787	0,209665384	0,001897458
Gma.821.1.S1_at	Glyma15g40250.1	1,573916412	0,911238575	3,704188116	0,00017535	0,003702443	8,21E-07
GmaAffx.80528.1.S1_at	Glyma05g36700.1	-0,064019057	3,02962975	3,444427013	0,961631511	0,052332127	0,033103729
Gma.10950.1.S1_at	Glyma08g02840.1	3,053773041	3,251534224	3,1528467	1,26E-06	8,39E-07	1,02E-06
GmaAffx.37095.2.S1_s_at	Glyma16g25080.1	-0,589566248	0,563814957	3,147086755	0,085720483	0,097318818	2,04E-05
Gma.7738.1.A1_at	Glyma13g29760.1	2,520144242	2,279918237	2,534449941	0,000100348	0,000183292	9,70E-05
Gma.17654.1.S1_at	Glyma03g29450.1	1,463585001	1,951022644	2,492487352	0,002541794	0,00052219	0,000123277
Gma.5799.1.S1_a_at	Glyma13g29270.1	1,765891385	2,236050904	2,433902335	1,94E-05	4,37E-06	2,55E-06
Gma.5799.1.S1_a_at	Glyma15g09820.1	1,765891385	2,236050904	2,433902335	1,94E-05	4,37E-06	2,55E-06
Gma.16640.1.S1_at	Glyma04g40610.1	0,89125585	2,51143597	2,394772565	0,086633155	0,000946696	0,001232027
Gma.4673.1.A1_at	Glyma02g12400.2	2,754698353	2,016208898	2,373329235	3,03E-05	0,000202797	7,59E-05
Gma.10883.2.S1_s_at	Glyma13g17820.1	1,686746413	1,523407933	2,346071921	0,000676783	0,001196156	9,70E-05
GmaAffx.18953.1.S1_at	Glyma05g32850.1	2,450643899	2,72829412	2,300451811	1,33E-05	6,78E-06	1,99E-05
Gma.5.1.S1_at	Glyma07g39890.2	0,968314658	0,847938809	2,267716372	0,014099215	0,024570693	0,000153293
GmaAffx.90259.1.S1_at	Glyma10g02940.1	-1,30236203	0,988119286	2,251732266	0,193089997	0,309962162	0,042749303
Gma.4673.2.S1_at	Glyma02g12400.3	1,620565272	1,880560843	2,197855338	0,000504031	0,000211207	8,27E-05
Gma.18054.1.S1_at	Glyma13g10640.1	0,712891142	1,756728134	2,185928691	0,132983067	0,004520368	0,001441222
Gma.1623.1.S1_at	Glyma06g44340.1	1,07064278	1,259034826	2,087025636	0,00044559	0,000171802	7,56E-06
GmaAffx.78995.1.S1_at	Glyma06g09430.1	-1,99472258	-1,761082805	2,033670233	0,001481587	0,002873463	0,001333273
Gma.4891.1.S1_at	Glyma08g18810.1	0,704373778	1,058782079	2,010131329	0,011295219	0,001468771	3,38E-05
Gma.4891.1.S1_at	Glyma15g40060.1	0,704373778	1,058782079	2,010131329	0,011295219	0,001468771	3,38E-05
Gma.7192.1.S1_at	Glyma16g08960.1	1,487282024	0,435511762	1,964619605	0,000806908	0,133949119	0,000159772
GmaAffx.67053.1.S1_s_at	Glyma20g16100.1	0,809019162	1,75978749	1,956592844	0,05289062	0,001649901	0,000921399
GmaAffx.30673.1.S1_at	Glyma12g06630.1	2,471210036	2,571899479	1,880361266	0,000481403	0,000382072	0,002188892
GmaAffx.40178.1.S1_at	Glyma17g34660.1	0,279985306	0,605604264	1,840530003	0,160784087	0,012311681	2,58E-05
GmaAffx.58029.1.S1_at	Glyma17g11820.1	1,322679969	1,486727811	1,832052502	0,000777245	0,000398131	0,00011541
Gma.4084.1.S1_at	Glyma04g28560.1	1,77995494	2,246640813	1,811301161	4,04E-06	9,08E-07	3,62E-06
Gma.4084.1.S1_at	Glyma11g20940.1	1,77995494	2,246640813	1,811301161	4,04E-06	9,08E-07	3,62E-06
Gma.3124.3.S1_a_at	Glyma08g16670.1	0,594050698	1,48960222	1,796594132	0,006304903	3,48E-05	1,08E-05
Gma.8926.1.S1_at	Glyma16g04060.2	0,711389894	1,047609864	1,741692628	0,001154627	0,000122363	5,18E-06
GmaAffx.68171.2.S1_at	Glyma02g40490.1	-0,086217742	0,032737957	1,705176207	0,649712994	0,862109468	4,77E-05
Gma.18018.1.S1_at	Glyma06g17460.1	0,484869782	1,168736908	1,674439887	0,006419136	4,54E-05	4,75E-06
Gma.3822.2.S1_at	Glyma05g17460.1	-0,472278741	0,714072269	1,671344258	0,305868032	0,139929343	0,006454454

Tabela S3

Spot	Gene ID	S19WTlogFC	S23WTlogFC	S25WTlogFC	S19WTP.Value	S23WTP.Value	S25WTP.Value
Gma.7467.1.A1_at	Glyma01g06550.1	2,041791797	2,593496516	1,659010973	2,30E-05	5,09E-06	8,29E-05
Gma.2587.1.S1_at	Glyma02g05190.1	0,679695684	0,699948502	1,651234071	0,006408615	0,005556341	4,32E-05
Gma.16338.1.S1_at	Glyma11g14550.1	1,384760569	0,99935839	1,622115255	0,000916556	0,005131946	0,000371514
GmaAffx.74239.1.S1_at	Glyma04g14270.1	-1,668235013	-0,676404464	1,61933708	0,001912795	0,085489745	0,002240715
GmaAffx.91952.1.S1_at	Glyma20g26780.1	-0,317471094	0,311526603	1,600531839	0,456467248	0,464580721	0,006002269
GmaAffx.89678.1.S1_s_at	Glyma11g33560.2	-2,24945497	-0,479026476	1,550794954	0,001485577	0,304663706	0,009694373
Gma.7459.1.A1_at	Glyma06g19740.1	2,193330626	0,997772556	1,521875021	5,64E-06	0,000680477	5,56E-05
GmaAffx.33296.1.S1_at	Glyma05g07730.1	0,347622341	0,396607584	1,50523272	0,158872576	0,115515126	0,000313729
Gma.1756.1.S1_x_at	Glyma14g10620.1	-0,377609499	0,622451231	1,450191602	0,291495869	0,103371563	0,003664439
GmaAffx.92973.1.S1_s_at	Glyma02g42860.1	0,349086293	1,26339694	1,384590644	0,077874787	0,000180554	0,000104097
GmaAffx.92973.1.S1_s_at	Glyma14g05980.2	0,349086293	1,26339694	1,384590644	0,077874787	0,000180554	0,000104097
GmaAffx.80044.1.S1_at	Glyma12g06430.1	-0,623655849	0,273353862	1,371584489	0,017180727	0,210384485	0,000292242
Gma.1777.1.A1_at	Glyma14g16200.3	1,901733117	1,257842526	1,333608508	9,86E-06	0,000127299	8,93E-05
Gma.5974.1.S1_at	Glyma09g42050.1	-0,050452322	1,121393251	1,295947252	0,8949911	0,020132806	0,010745613
Gma.11213.1.S1_x_at	Glyma17g37480.1	0,084550545	0,861000926	1,289101139	0,774603526	0,020419501	0,00310313
Gma.7482.1.S1_at	Glyma02g42860.1	0,211270703	1,151336271	1,223314668	0,412900706	0,002443811	0,001770322
Gma.7482.1.S1_at	Glyma14g05980.1	0,211270703	1,151336271	1,223314668	0,412900706	0,002443811	0,001770322
Gma.8460.1.S1_at	Glyma05g04940.1	0,643286457	0,597194613	1,208444449	0,019963136	0,026941601	0,000887141
Gma.8973.1.S1_at	Glyma20g23550.1	0,174154315	0,949960339	1,139920911	0,687197737	0,057709081	0,030148373
Gma.4324.3.S1_a_at	Glyma20g31210.2	-0,096671954	0,821055471	1,105477908	0,695542188	0,011464985	0,00268911
GmaAffx.67622.2.S1_at	Glyma04g40760.1	0,417030743	0,393374857	1,038946186	0,107191167	0,124725355	0,002781581
GmaAffx.67622.2.S1_at	Glyma06g14030.1	0,417030743	0,393374857	1,038946186	0,107191167	0,124725355	0,002781581
Gma.4404.1.S1_at	Glyma10g01640.1	-0,504515033	0,468339126	0,94627848	0,169464202	0,197798541	0,024866712
Gma.6380.1.S1_at	Glyma13g30990.1	0,844921535	1,723546677	0,945884037	0,001426497	2,09E-05	0,000762665
GmaAffx.10529.1.S1_at	Glyma09g39960.1	0,205415286	0,139799957	0,909319335	0,368701364	0,533644639	0,004276247
GmaAffx.74897.1.S1_at	Glyma09g31080.1	0,523070801	0,756182781	0,901237155	0,041611805	0,009124725	0,003893295
GmaAffx.82556.1.S1_at	Glyma13g01560.1	-0,922844706	0,609822679	0,836140865	0,004494989	0,028538481	0,007274521
Gma.4428.1.S1_at	Glyma08g45020.1	-0,085221395	0,869764727	0,80980051	0,795722323	0,03030725	0,039546612
GmaAffx.53489.1.A1_at	Glyma13g32760.1	1,829305118	2,110865198	0,800252391	6,58E-06	2,64E-06	0,000972116
Gma.15565.1.S1_at	Glyma10g31560.1	1,25886755	0,555348903	0,732682014	0,002065953	0,069255898	0,026019239
Gma.15264.1.S1_at	Glyma10g34810.1	-1,15205324	-0,553960277	0,694157113	0,027486606	0,219577545	0,13567586
GmaAffx.92491.1.S1_s_at	Glyma05g28610.1	0,276879295	1,274258577	0,677244237	0,479260603	0,011799129	0,11202699
Gma.2657.1.S1_at	Glyma14g20400.1	0,018625624	0,144981587	0,586187213	0,939336867	0,55898647	0,043898596
Gma.9274.1.S1_at	Glyma10g06480.1	0,318597589	0,236761146	0,57464749	0,148634454	0,265908882	0,023010349
GmaAffx.58266.1.S1_at	Glyma03g30480.1	0,519800938	1,144086606	0,566909551	0,073960112	0,002699482	0,05612049
Gma.7508.1.S1_at	Glyma13g25010.1	-0,187419814	-0,507731968	0,531333831	0,153838856	0,003828297	0,003033728
GmaAffx.11850.1.S1_at	Glyma06g09310.7	0,329336755	-0,079359668	0,529516189	0,085863985	0,64231123	0,01543441

Tabela S3

Spot	Gene ID	S19WTlogFC	S23WTlogFC	S25WTlogFC	S19WTP.Value	S23WTP.Value	S25WTP.Value
GmaAffx.77379.2.S1_at	Glyma01g44870.1	-1,049845709	-0,474467217	0,525259265	0,000178038	0,012254617	0,007678587
Gma.10723.1.S1_at	Glyma13g13050.1	0,435124883	1,259952289	0,51275731	0,022281534	8,19E-05	0,0110039
Gma.8195.1.S1_x_at	Glyma08g40920.1	0,710071738	0,692481766	0,506015916	0,00316104	0,003594668	0,015777157
GmaAffx.33274.1.S1_at	Glyma04g36710.1	1,005925039	0,740620228	0,500596057	0,003350742	0,014388061	0,063404401
GmaAffx.55661.1.S1_at	Glyma15g15010.1	-2,015744138	-1,117212681	0,441391114	0,004954338	0,057500689	0,395856531
Gma.16985.1.S1_at	Glyma20g38050.2	-0,659322591	-0,206724201	0,435182723	0,005955681	0,253115074	0,035589507
Gma.664.1.S1_at	Glyma11g21310.1	-0,094658997	0,117255929	0,356592718	0,521940775	0,431597373	0,040354156
Gma.8066.1.A1_at	Glyma15g03190.1	0,310929094	0,49581971	0,310284752	0,042185063	0,005829177	0,042497742
GmaAffx.93348.1.S1_x_at	Glyma15g40850.1	-1,850250722	0,289138211	0,282284547	0,007973019	0,576570176	0,585421352
GmaAffx.3449.1.S1_at	Glyma12g04490.1	0,416042784	0,679407788	0,241800736	0,019845448	0,001895886	0,121394185
GmaAffx.65829.1.A1_at	Glyma17g15480.1	-0,459280156	-0,23629063	0,239493265	0,035117787	0,218217188	0,212746053
GmaAffx.52626.1.S1_at	Glyma19g34120.1	0,621185641	0,159350419	0,225166462	0,00640666	0,348475285	0,199508221
Gma.10247.1.S1_at	Glyma15g17630.2	0,397040393	-0,268757744	0,206441041	0,124926148	0,275211806	0,392925008
GmaAffx.75214.1.S1_at	Glyma20g30490.1	-2,053711808	-1,856744047	0,117805611	0,000136567	0,000249075	0,664407291
Gma.17439.1.S1_at	Glyma05g37260.1	2,004365916	1,679318144	0,088738368	0,000745756	0,001972591	0,801279324
GmaAffx.53833.1.S1_at	Glyma16g04110.1	-1,669786284	-1,391549336	0,053814074	0,000178465	0,000519257	0,814702897
GmaAffx.85657.1.S1_s_at	Glyma13g43730.1	-1,875689441	1,295887206	0,042543264	0,009203928	0,042071926	0,93657375
Gma.8094.1.S1_at	Glyma12g30910.1	-0,027454052	-0,361236795	0,041708957	0,817491087	0,017325189	0,726626937
GmaAffx.91944.1.S1_s_at	Glyma02g47750.1	-0,778496922	1,643704009	-0,011423641	0,002471457	3,20E-05	0,946470316
Gma.4732.1.A1_at	Glyma14g31850.1	0,542179456	0,510146671	-0,012739654	0,003275317	0,004459984	0,918905282
Gma.10215.1.S1_a_at	Glyma20g38980.1	-0,841771409	-0,040237379	-0,027230252	0,041894182	0,907675567	0,937426046
Gma.5429.1.S1_at	Glyma14g12570.1	-2,27147268	-0,637616096	-0,039180297	0,007212872	0,319167488	0,94917178
GmaAffx.34747.1.S1_at	Glyma06g04410.1	-0,843500289	-0,766437229	-0,046245391	0,004471949	0,007141159	0,82349889
GmaAffx.82546.1.S1_at	Glyma11g18310.1	-0,329473794	-0,051823272	-0,064361908	0,139553442	0,799613095	0,752896304
GmaAffx.77167.1.S1_at	Glyma13g09390.1	-0,650219713	-0,024161614	-0,070950683	0,002935639	0,869453862	0,632172756
GmaAffx.23945.1.S1_at	Glyma09g38300.1	2,444670875	0,460570898	-0,078681969	0,001816358	0,376248013	0,87608828
Gma.6320.1.S1_at	Glyma18g08640.1	0,51193387	0,396412891	-0,118951138	0,011969687	0,034252677	0,451976156
GmaAffx.72022.1.S1_at	Glyma14g40540.1	-0,300743914	-0,233462131	-0,23653106	0,042890774	0,095683759	0,092232148
GmaAffx.91277.1.A1_s_at	Glyma01g03650.3	-0,532638368	0,352713758	-0,244800496	0,009346752	0,049366527	0,141744999
Gma.17486.1.S1_at	Glyma14g13480.2	0,256372426	-0,785038456	-0,253016471	0,131554765	0,001417519	0,13584835
GmaAffx.72955.1.S1_at	Glyma02g06200.1	-0,445538894	0,019175621	-0,266073609	0,044885272	0,918426511	0,186057161
GmaAffx.76163.2.S1_at	Glyma09g32390.1	-1,426879581	-1,054705719	-0,311463607	0,000243285	0,001363356	0,163593321
Gma.5107.2.S1_a_at	Glyma12g03740.3	-0,639494127	-0,319507038	-0,333263007	0,006013936	0,089341459	0,078974405
Gma.149.1.S1_at	Glyma20g31030.1	-2,41219005	-1,674312934	-0,335441695	7,14E-06	6,97E-05	0,122526317
GmaAffx.63265.1.S1_at	Glyma01g36660.2	-0,673384638	-0,748056674	-0,366913051	0,013616716	0,008449443	0,114212035
GmaAffx.63265.1.S1_at	Glyma11g08680.1	-0,673384638	-0,748056674	-0,366913051	0,013616716	0,008449443	0,114212035
Gma.8430.1.S1_a_at	Glyma18g42300.1	0,416748853	-0,119293688	-0,371229748	0,018119846	0,402313332	0,028910741

Tabela S3

Spot	Gene ID	S19WTlogFC	S23WTlogFC	S25WTlogFC	S19WTP.Value	S23WTP.Value	S25WTP.Value
GmaAffx.70210.1.S1_at	Glyma09g01850.1	-0,271978765	-0,175887575	-0,375174328	0,170316461	0,354637877	0,073901057
Gma.1.1.A1_at	Glyma08g20230.1	-0,177661988	-0,376062733	-0,394198279	0,264602119	0,038471282	0,032301652
GmaAffx.45573.1.S1_at	Glyma11g13870.1	-0,512740216	-0,236897572	-0,500101599	0,018181109	0,194787153	0,02017503
Gma.254.1.S1_at	Glyma11g03800.1	0,496122656	-0,500664396	-0,54321528	0,013441293	0,012911145	0,008916155
Gma.17414.1.S1_at	Glyma13g38260.1	-1,293311349	-0,770857357	-0,551852224	0,008710826	0,066403609	0,162334888
Gma.17414.1.S1_at	Glyma12g32210.1	-1,293311349	-0,770857357	-0,551852224	0,008710826	0,066403609	0,162334888
Gma.3539.2.A1_at	Glyma09g35760.1	-0,251754068	-0,315871851	-0,630752576	0,213151734	0,130132858	0,01176297
GmaAffx.91474.1.S1_s_at	Glyma04g42720.3	-2,647408631	-1,955706071	-0,689932152	0,001658282	0,007721598	0,226281522
GmaAffx.82107.1.S1_at	Glyma20g30100.2	-1,155514447	-0,949527247	-0,708378147	0,008205414	0,019577489	0,058214087
Gma.13938.2.A1_at	Glyma18g12920.1	0,416604553	-0,688257234	-0,781967954	0,214122444	0,059749435	0,038479425
Gma.6924.2.S1_a_at	Glyma18g10290.1	-1,470027381	-0,929910663	-0,830771494	7,32E-05	0,001070258	0,001976443
Gma.4327.2.S1_at	Glyma07g35110.1	-1,387448891	-1,18727407	-0,839588528	0,004318144	0,009161809	0,038550503
Gma.3194.1.S1_at	Glyma04g09290.1	-0,894522765	-1,153634849	-0,885668681	0,011746939	0,003454318	0,012281399
Gma.2119.1.S1_at	Glyma03g35020.2	-0,189513202	-0,773433754	-0,925777026	0,26163876	0,001866058	0,000691956
Gma.9281.1.S1_at	Glyma04g06010.1	-0,087113365	-1,009725082	-0,958852221	0,800976568	0,020315014	0,025050499
Gma.9281.1.S1_at	Glyma06g06030.1	-0,087113365	-1,009725082	-0,958852221	0,800976568	0,020315014	0,025050499
GmaAffx.37908.1.A1_at	Glyma08g46970.1	-2,923071947	-2,255025817	-1,0345093	0,000774995	0,003152292	0,078621885
Gma.1798.1.S1_at	Glyma13g17270.2	-0,021466461	-0,51416359	-1,158749341	0,951748014	0,178671104	0,012733706
Gma.1404.1.S1_at	Glyma15g07920.2	0,335757383	0,490072186	-1,189396917	0,060032311	0,014174678	0,000124614
GmaAffx.77993.1.S1_at	Glyma13g27250.2	-2,28955049	-0,480613307	-1,478875478	2,27E-05	0,063909298	0,000323024
Gma.2768.1.S1_at	Glyma18g45780.1	-0,259092232	-0,570107123	-1,499241144	0,136454695	0,008237519	3,67E-05
Gma.17502.1.S1_at	Glyma14g06750.1	0,618679284	-0,562675892	-1,510088468	0,131805441	0,164376414	0,004655589
Gma.16866.1.A1_at	Glyma05g09070.1	-2,006070188	-2,906825201	-1,598596389	0,000200318	2,07E-05	0,000748256
GmaAffx.91608.1.S1_at	Glyma07g04080.1	0,136649902	-0,759075671	-1,638658029	0,597319665	0,019244266	0,000381387
GmaAffx.74458.1.A1_at	Glyma13g43580.2	-1,359842074	-1,574114153	-1,747978351	4,32E-05	1,74E-05	8,98E-06
GmaAffx.40837.1.S1_at	Glyma08g14880.1	-0,955344709	-1,198828469	-1,857648797	0,000294473	7,55E-05	4,89E-06
Gma.13155.1.A1_at	Glyma06g05890.1	-1,412115204	-0,754488744	-1,886807483	3,31E-05	0,001334275	5,35E-06
Gma.5914.1.S1_at	Glyma07g39320.1	-0,984544527	-1,14466733	-1,891058469	0,020161289	0,010471706	0,000793706
Gma.760.1.S1_at	Glyma17g18250.1	-1,067541332	-1,206783166	-2,054713164	7,61E-05	3,58E-05	1,23E-06
Gma.3996.2.S1_s_at	Glyma12g33990.1	-2,14984469	-2,049966084	-2,152884458	6,83E-05	9,13E-05	6,77E-05
GmaAffx.58899.1.S1_at	Glyma10g35940.1	-0,970891609	0,084791707	-2,206773659	0,012788833	0,776333797	0,000160576
GmaAffx.69424.1.S1_s_at	Glyma15g42250.1	-2,003702173	-1,559785896	-2,22062458	3,78E-05	0,000173913	2,00E-05
GmaAffx.47250.1.S1_at	Glyma10g26690.1	-1,648435815	-1,163673595	-2,274702024	0,000463616	0,003130998	6,81E-05
GmaAffx.12706.1.A1_at	Glyma13g03280.2	-0,893211126	-1,003761195	-2,335780365	0,015729925	0,009344132	9,17E-05
Gma.698.1.S1_at	Glyma15g39090.1	-1,596953612	-1,068610443	-2,538399597	0,000426054	0,003819536	2,60E-05
GmaAffx.69371.1.S1_at	Glyma14g01660.1	-2,175610329	-1,737725208	-2,540945469	1,42E-06	5,99E-06	5,24E-07
GmaAffx.25347.1.S1_at	Glyma04g06110.1	-1,774150925	0,035159936	-2,603341095	0,002237274	0,926388629	0,000259356

Tabela S3

Spot	Gene ID	S19WTlogFC	S23WTlogFC	S25WTlogFC	S19WTP.Value	S23WTP.Value	S25WTP.Value
Gma.1926.1.S1_at	Glyma17g08270.1	-3,64870272	-2,204569394	-2,65559416	0,000197082	0,003290663	0,00122145
Gma.16659.1.S1_at	Glyma18g03210.1	-1,561162628	-0,599577258	-2,670956166	0,001190757	0,077525605	5,07E-05
GmaAffx.20925.1.S1_at	Glyma10g29490.2	-3,480019014	-2,498423199	-3,063477483	1,12E-05	8,77E-05	2,50E-05
Gma.2705.1.S1_at	Glyma08g22850.1	-0,683968516	-0,973249064	-3,677003062	0,005156296	0,000793972	2,06E-07
GmaAffx.82511.2.S1_at	Glyma13g39470.1	-2,709107837	-2,709882137	-3,842081189	5,52E-05	5,51E-05	6,20E-06
GmaAffx.13806.1.S1_at	Glyma11g10230.1	-2,628515883	-1,21032977	-3,955451059	0,002248693	0,063626667	0,00022474
GmaAffx.13806.1.S1_at	Glyma12g02540.1	-2,628515883	-1,21032977	-3,955451059	0,002248693	0,063626667	0,00022474
GmaAffx.92139.1.S1_at	Glyma08g11500.1	-4,759428932	-5,011369679	-5,127016587	7,04E-09	5,02E-09	4,33E-09
Gma.10892.1.S1_a_at	Glyma05g08590.3	-4,577962035	-3,440343619	-6,361391901	2,40E-06	1,47E-05	2,88E-07

Tabela S4

Spot	Gene ID	WT_D3_WT_N0logFC	WT_D4_WT_N0logFC	WT_D5_WT_N0logFC	WT_D10_WT_N0logFC	WT_D3_WT_N0P.Value	WT_D4_WT_N0P.Value	WT_D5_WT_N0P.Value	WT_D10_WT_N0P.Value
245075_at	AT2G23180	-0,398730593	-0,228108919	-0,151508615	-0,799976553	0,003058252	0,061536696	0,199260536	4,02E-06
245096_at	AT2G40880	0,114421802	-0,273802237	0,011709299	-0,639799412	0,250812497	0,01207545	0,904290496	7,97E-06
245249_at	AT4G16760	0,261194554	0,558634672	0,926523576	0,864401914	0,007305374	8,45E-06	1,62E-08	4,04E-08
245252_at	AT4G17500	-0,667129638	1,130429802	-0,659557131	-0,700252266	0,004453425	4,66E-05	0,004812139	0,003173279
245253_at	AT4G15440	0,261772469	0,195486269	0,201790007	0,414911095	0,026287269	0,085398658	0,076712955	0,001424835
245349_at	AT4G16690	0,631433565	-0,087757686	0,644806403	0,06768677	0,000138836	0,4898555	0,000113121	0,593068997
245483_at	AT4G16190	-0,317203462	1,107265498	1,625000134	1,451870125	0,002662846	2,76E-09	1,34E-11	6,55E-11
245583_at	AT4G14920	-0,362334904	-0,206855212	-0,099282816	-0,329469658	0,001154548	0,036944377	0,288597194	0,002414614
245602_at	AT4G14270	-1,481596754	1,246878847	2,293491726	2,347506017	5,28E-10	5,54E-09	1,11E-12	7,98E-13
245971_at	AT5G20730	0,159937655	0,155998087	0,203454412	0,481320877	0,144943996	0,154397397	0,069434784	0,000340198
245989_s_at	AT5G20620	-0,653790786	0,432306665	0,484521726	0,351440549	6,25E-05	0,002428144	0,000995345	0,009728026
246044_at	AT5G19450	0,057065583	0,089203434	0,427048471	0,826362025	0,629837908	0,453825512	0,002271998	3,82E-06
246076_at	AT5G20280	0,092026828	0,607044531	1,311603957	1,364181739	0,525561732	0,00067026	1,56E-07	9,41E-08
246233_at	AT4G36550	-0,230853474	-0,029880988	-0,145710406	0,083122828	0,083260653	0,81326447	0,259515731	0,513843912
246276_at	AT4G37270	0,145055549	-0,04874848	-0,023707909	0,121575809	0,151584519	0,618798095	0,808179729	0,224615934
247065_s_at	AT5G66900	-0,044954026	0,161383438	0,191138475	0,681153488	0,745053966	0,253054378	0,179637128	0,000160309
247073_at	AT5G66570	0,664426545	0,11258837	0,053519561	0,157698482	1,45E-06	0,209811334	0,542587238	0,086498157
247079_at	AT5G66055	0,037745294	0,045846187	0,007059881	0,070197566	0,787611594	0,743638715	0,959761642	0,617426787
247080_at	AT5G66140	0,402553504	0,216339275	0,014351167	-0,050168585	0,000213763	0,019613389	0,864504514	0,553063582
247096_at	AT5G66430	-0,053303762	-0,013245215	0,04708481	0,181124631	0,679589855	0,918028623	0,715056654	0,17309382
247117_at	AT5G65940	0,121580504	0,086013258	0,290663567	0,430612883	0,259941196	0,420397842	0,013607682	0,00088571
247176_at	AT5G65110	0,1286292	0,864162944	1,696587179	0,995094956	0,343873857	9,68E-06	1,98E-09	1,89E-06
247219_at	AT5G64920	-0,002199955	-0,192300477	-0,170251736	0,033211197	0,986717937	0,159914067	0,210128892	0,801784112
247277_at	AT5G64420	0,273299149	0,080462815	-0,236118419	-0,105805511	0,02756461	0,482917999	0,05216099	0,359160407
247806_at	AT5G58270	0,080192188	-0,077743516	-0,275537292	-0,273304228	0,394342417	0,408589272	0,008845274	0,009293427
247864_s_at	AT5G57890	0,229214778	-0,083297553	-0,299841165	-0,875694366	0,089211519	0,51869287	0,031268756	5,10E-06
247884_at	AT5G57800	0,324247198	0,202552895	-0,11482348	-0,92191408	0,00185238	0,032274173	0,200551509	2,25E-08
247929_at	AT5G57330	-0,062490792	0,06440886	-0,035592405	-0,300318686	0,483854538	0,470770488	0,688372099	0,003639911
247989_at	AT5G56350	0,435690725	0,470164701	0,333047195	-0,28069272	0,000829914	0,000429923	0,006113186	0,016842971
248045_at	AT5G56030	-0,283392508	-0,329069853	-1,201810931	-1,471960022	0,077861492	0,044143527	9,16E-07	7,18E-08
248070_at	AT5G55660	-0,463665372	-0,917804977	-1,002513573	-0,91755606	0,000481201	2,90E-07	9,46E-08	2,91E-07
248200_at	AT5G54160	0,101282195	-0,196417909	-0,778311382	-1,660121272	0,248393403	0,03440492	1,62E-07	5,35E-12
248472_at	AT5G50860	0,500575425	0,579725788	0,416287233	0,261365978	0,001164428	0,000329694	0,004590071	0,053812745
248487_at	AT5G51070	-0,150898234	0,868751812	1,772007984	1,23911951	0,34336141	5,05E-05	9,33E-09	9,12E-07
248608_at	AT5G49460	0,531071661	0,758090206	0,584396292	-0,023685322	6,10E-05	1,13E-06	2,23E-05	0,808459594
248769_at	AT5G47730	-0,323773892	-0,502769583	-0,872828434	-1,115957912	0,006024909	0,000174816	3,77E-07	1,59E-08
248772_at	AT5G47800	-0,301018622	-0,170489116	-0,462457989	-0,524752573	0,01275624	0,12977244	0,000590555	0,000187461
249087_at	AT5G44210	0,214915671	-0,280616747	-0,483108833	0,027063709	0,082675327	0,028313464	0,000824574	0,817852947
249208_at	AT5G42650	0,167848155	-0,090024116	-1,065599478	-1,460333651	0,256017742	0,535908124	2,09E-06	4,08E-08
249237_at	AT5G42050	-0,317959876	1,116528967	1,190912158	1,360663855	0,019897353	1,79E-07	7,83E-08	1,37E-08
249405_at	AT5G40280	0,150074195	-0,440122311	-0,392501826	0,082614649	0,127490205	0,000277417	0,000763123	0,388237365
249581_at	AT5G37600	-0,804025849	-0,306892406	-0,203181444	-1,925440979	6,28E-06	0,020093567	0,105424887	7,47E-11
249717_at	AT5G35730	-0,042615857	0,195786808	0,089444072	-0,315394653	0,682395566	0,074736343	0,3950407	0,007606666
249739_at	AT5G24520	0,130297584	-0,046406989	-0,108898897	-0,339872084	0,200074264	0,639818567	0,280157068	0,003304425

Tabela S4

Spot	Gene ID	WT_D3_WT_N0logFC	WT_D4_WT_N0logFC	WT_D5_WT_N0logFC	WT_D10_WT_N0logFC	WT_D3_WT_N0P.Value	WT_D4_WT_N0P.Value	WT_D5_WT_N0P.Value	WT_D10_WT_N0P.Value
250143_at	AT5G14670	0,105873236	1,00618057	1,091530203	0,460219168	0,456893799	3,08E-06	1,17E-06	0,004746326
250207_at	AT5G13930	0,210409721	0,246366973	-0,131132628	-0,441050965	0,032338146	0,014582191	0,161915207	0,000182614
250253_at	AT5G13640	-0,141111074	0,062963707	0,098902542	-0,201912709	0,150753495	0,50933332	0,30519456	0,046890548
250373_at	AT5G11470	-0,093980935	-0,519672346	-0,525069476	-0,479364338	0,504116981	0,001842643	0,001701489	0,003347299
250397_at	AT5G10980	-0,200325564	0,126049395	0,231603331	-0,028886217	0,050009049	0,199540179	0,026347411	0,762539443
250738_at	AT5G05730	0,410907414	-0,072179324	-0,635811224	-0,591268381	0,000318331	0,425483992	3,29E-06	7,58E-06
250781_at	AT5G05410	-0,793718367	1,79141772	3,940992941	4,372594245	0,000388498	3,98E-08	7,21E-13	1,62E-13
250827_at	AT5G05170	-0,058173964	-0,00474711	-0,199090167	-0,167718351	0,60674782	0,966342634	0,092360696	0,150583369
250899_at	AT5G03340	-0,118097851	-0,019128511	0,323427652	0,77026357	0,202071444	0,831748857	0,002398591	3,40E-07
250906_at	AT5G03650	0,169918174	-0,367676392	-0,746031566	-0,483278645	0,09018979	0,001395575	1,03E-06	0,000123491
250995_at	AT5G02500	0,102096852	-0,107652946	-0,400686352	0,086017362	0,287188803	0,262788049	0,00061327	0,367186844
251175_at	AT3G63250	-0,152337878	-0,374930429	-0,41583219	-0,09705354	0,171967491	0,003080865	0,00140907	0,375082729
251182_at	AT3G62600	-0,314675683	-0,193485183	-1,115842404	-1,159061205	0,011360055	0,096120072	4,24E-08	2,58E-08
251237_at	AT3G62420	-0,337418983	0,641696604	0,332874724	-0,063917484	0,00163499	2,83E-06	0,001815865	0,477753276
251272_at	AT3G61890	2,105306323	3,507547141	5,88067267	6,112543287	3,14E-09	2,51E-12	1,43E-15	8,16E-16
251454_at	AT3G60080	0,525101373	-0,159008406	0,045345378	0,235181169	0,000184359	0,155182912	0,675369137	0,042870823
251494_at	AT3G59350	-1,456356244	0,815462016	1,457308114	1,346921689	7,44E-10	1,40E-06	7,37E-10	2,17E-09
251503_at	AT3G59140	0,408953921	-0,230917807	-0,691579264	-0,467995805	0,002608205	0,05952903	2,14E-05	0,000907809
251553_at	AT3G58710	-0,489689884	-0,203359294	-0,027544338	0,210081203	0,013053198	0,259865137	0,876045566	0,245123095
251847_at	AT3G54640	-0,032463369	-0,671974206	-1,365469496	-1,954734443	0,722406835	2,12E-06	2,00E-10	1,25E-12
251870_at	AT3G54510	0,34032569	0,634766786	0,9088109	0,87760685	0,114044097	0,006956198	0,000453495	0,0006154
252056_at	AT3G52590	-0,051752796	0,161656442	-0,06483757	0,022073242	0,576060621	0,094653513	0,484943651	0,810678956
252131_at	AT3G50930	-0,063450415	3,467989901	-0,189567452	-0,17309614	0,727391154	6,55E-12	0,305527999	0,348030374
252414_at	AT3G47420	1,21520222	1,00065613	1,299292329	1,501329755	3,17E-06	2,79E-05	1,43E-06	2,42E-07
252618_at	AT3G45140	-0,310737243	0,070212215	-0,635499752	-1,6443139	0,015538986	0,546062425	5,47E-05	4,08E-10
252678_s_at	AT3G44300	-0,107554705	-0,028149119	-0,022331415	-1,014470195	0,36091721	0,808481239	0,847457232	2,61E-07
252927_at	AT4G39090	-0,656825845	0,870066066	1,834306125	1,468947661	0,000397427	2,48E-05	2,40E-09	4,63E-08
252943_at	AT4G39330	0,17334151	0,215597799	-0,139523643	-0,762521387	0,104943633	0,04869378	0,184997581	1,80E-06
252983_at	AT4G37980	0,077990835	0,541509653	0,6924159	1,092890577	0,450555731	8,10E-05	5,73E-06	1,99E-08
253358_at	AT4G32940	0,205266604	1,176276945	2,33745624	1,871251809	0,280353142	1,25E-05	2,29E-09	4,43E-08
253399_at	AT4G32850	-0,200823818	-0,148119247	0,062051569	0,188466618	0,073550072	0,176159178	0,560706046	0,091061785
253481_at	AT4G31990	0,011947615	0,045183126	-0,034400532	-0,276079783	0,885155837	0,586709449	0,678305294	0,004077434
253534_at	AT4G31500	0,346132002	-0,879360908	-2,27423567	-2,192924145	0,068841892	0,000171191	1,98E-09	3,25E-09
253550_at	AT4G30960	0,900487202	1,935217664	3,091465314	3,269222056	4,51E-07	1,53E-11	1,83E-14	8,13E-15
253921_at	AT4G26900	0,130881517	-0,274033108	-0,634549447	-0,275673891	0,177235743	0,00973973	5,83E-06	0,009396232
254097_at	AT4G25160	0,228039325	0,068543342	-0,123450306	-0,136144523	0,116105571	0,62320749	0,38063343	0,334972305
254224_at	AT4G23650	0,265329227	0,021996496	-0,079054513	-0,305801109	0,053073558	0,863970201	0,540523351	0,028721792
254340_at	AT4G22120	0,017214641	0,011394955	-0,787764138	-0,80383895	0,87331213	0,915920733	2,37E-06	1,86E-06
254592_at	AT4G18880	-0,104250399	0,100325855	0,573243013	0,991950576	0,448150514	0,46509527	0,000675683	2,40E-06
254723_at	AT4G13510	-0,690305536	0,128217858	-0,106985999	0,059700166	2,51E-05	0,281168946	0,365627335	0,610185771
255132_at	AT4G08170	0,215899552	0,085363996	-0,026774066	-0,385842822	0,075915184	0,462248307	0,81611286	0,003947509
255220_at	AT4G05320	-0,557772892	-0,111303749	-0,018080036	-0,40299983	2,90E-05	0,254443284	0,849878926	0,000664131
255310_at	AT4G04955	-0,903185643	-0,44816538	-1,091448935	-1,944926852	1,26E-06	0,001511808	1,20E-07	4,85E-11
255457_at	AT4G02770	0,090160005	-0,519114109	-1,370295039	-2,369110922	0,501601356	0,001280565	3,22E-08	1,78E-11

Tabela S4

Spot	Gene ID	WT_D3_WT_N0logFC	WT_D4_WT_N0logFC	WT_D5_WT_N0logFC	WT_D10_WT_N0logFC	WT_D3_WT_N0P.Value	WT_D4_WT_N0P.Value	WT_D5_WT_N0P.Value	WT_D10_WT_N0P.Value
255552_at	AT4G01850	-0,127234062	0,193448434	0,312255904	0,294974592	0,269984897	0,102204691	0,013285109	0,018131318
255782_at	AT1G19850	-0,002682147	0,110911247	-0,288644931	-0,115656317	0,979787015	0,303746281	0,014386425	0,284281435
255787_at	AT2G33590	1,060187657	0,091265788	1,14089848	1,684306096	1,06E-06	0,50477317	4,30E-07	2,67E-09
255894_at	AT1G17980	0,209547834	0,20272476	0,125109984	0,356162873	0,048887912	0,055741061	0,219760429	0,002437875
256186_at	AT1G51680	0,497283096	0,574393641	0,632539562	0,208183282	0,000240474	5,86E-05	2,12E-05	0,062670053
256294_at	AT1G69450	-0,163567928	-0,115501924	0,768275624	0,980379879	0,3706886	0,524425536	0,000609217	6,10E-05
256310_at	AT1G30360	-0,492273555	0,120568368	0,579953782	0,795090051	0,000799919	0,320165142	0,000184002	6,74E-06
256321_at	AT1G55020	-0,325898324	0,325412496	1,044865575	0,347227173	0,047403825	0,047693618	5,24E-06	0,036183354
256403_at	AT3G06190	-0,08175626	0,294159811	0,824708527	1,093688811	0,426398447	0,010223821	6,64E-07	1,80E-08
256417_s_at	AT3G11170	-0,271360805	-0,294639188	-0,952881737	-1,419246376	0,010667412	0,006420778	4,19E-08	1,91E-10
256516_at	AT1G66150	0,024928179	0,31081569	-0,034995873	-0,641432602	0,780671715	0,003065973	0,69624997	2,90E-06
256756_at	AT3G25610	-0,088953731	-0,608511372	-0,526908076	-0,174543426	0,657555588	0,007519436	0,017334973	0,388943986
256804_at	AT3G20920	0,103956326	0,273255437	0,414436989	0,660959617	0,221064926	0,004396421	0,000139243	8,02E-07
256870_at	AT3G26300	0,063752067	-0,432950103	0,139682715	0,886583602	0,609615556	0,00302136	0,271220119	3,10E-06
257275_at	AT3G14450	0,211689474	0,67563441	0,266317787	-0,056348533	0,050224135	6,50E-06	0,017240489	0,578854722
257746_at	AT3G29200	0,053471536	0,371356309	-0,005962073	-0,441595531	0,601763692	0,002178898	0,953380644	0,000532889
257758_at	AT3G22980	0,290238627	0,470060011	0,519107887	0,866564966	0,027660345	0,001305902	0,000571131	2,92E-06
257790_at	AT3G27090	0,083867179	0,03738138	0,040902703	0,000914465	0,364680242	0,68275666	0,654912202	0,991999461
258005_at	AT3G19390	-0,096362588	1,684985385	2,164615463	1,315590521	0,551608232	2,56E-08	8,79E-10	6,01E-07
258063_at	AT3G14620	-0,374642778	1,056280034	1,495095822	0,491902758	0,073046899	7,23E-05	1,53E-06	0,023123032
258094_at	AT3G14690	0,622333755	-0,00978509	0,988223057	1,599428643	0,000168818	0,93847536	1,08E-06	2,12E-09
258110_at	AT3G14610	-0,087541712	-0,243331604	0,154567075	0,256020927	0,499821484	0,074027944	0,241090161	0,061578207
258132_at	AT3G24550	-0,164808164	-0,471639789	-0,811480783	-0,784879787	0,096483022	0,000142918	3,25E-07	4,91E-07
258206_at	AT3G14010	-0,048986471	-0,15503764	0,388003207	1,101962846	0,675503831	0,196872622	0,004188729	9,82E-08
258489_at	AT3G02520	0,285952497	0,369206644	0,454817134	0,617218929	0,004253371	0,000584585	8,30E-05	2,96E-06
258555_at	AT3G06860	0,181155086	0,603913534	0,51307296	-0,148109878	0,104997669	4,04E-05	0,000205165	0,178646272
259161_at	AT3G01500	0,239315376	-0,120767062	-0,622024186	-1,234850853	0,055106458	0,310143965	7,63E-05	0,178646272
259341_at	AT3G03740	-0,040656998	0,060430334	0,057587611	-0,152356416	0,693834846	0,55974704	0,578154258	0,153586793
259707_at	AT1G77490	0,086786166	-0,409913631	-0,617045959	-0,428119521	0,394254083	0,000893931	1,71E-05	0,00061886
259723_at	AT1G60960	-0,165447051	-0,256769778	-0,838465107	-1,034255139	0,12783068	0,024540428	7,41E-07	5,23E-08
259761_at	AT1G77590	0,105226492	0,415402164	0,643225914	-0,131897254	0,359482407	0,002050156	3,88E-05	0,254555523
259816_at	AT1G49850	0,002798376	0,059215502	0,704531261	1,170761914	0,978899192	0,577756899	6,87E-06	1,24E-08
259932_at	AT1G34370	0,033887433	0,201170462	0,458307232	1,056243889	0,721093638	0,047641209	0,000193816	1,12E-08
260006_at	AT1G68000	0,070619989	-0,159860986	-0,05501711	-0,462241709	0,457379808	0,104932041	0,561137271	0,000168146
260244_at	AT1G74320	-0,010756841	-0,25482415	0,054825815	0,071249268	0,92634817	0,041926072	0,638773984	0,54290071
260287_at	AT1G80440	0,891433032	2,86665272	4,385657956	4,894171137	1,80E-10	1,80E-10	4,31E-13	8,87E-14
260291_at	AT1G63700	0,042000644	0,758659524	0,675720402	0,770865809	0,696690498	3,51E-06	1,31E-05	2,91E-06
260581_at	AT2G47190	-0,316198175	-0,492984524	-0,167884498	-0,235041692	0,126134736	0,023423706	0,403112009	0,247120285
260592_at	AT1G55850	-0,906722035	0,347007285	0,615070935	1,305304253	1,86E-08	0,000837161	2,44E-06	1,30E-10
260746_at	AT1G78380	0,180297669	0,303630299	0,209219378	0,190342679	0,07514001	0,005779306	0,042390622	0,061783514
260880_at	AT1G21380	0,232364745	0,155660208	0,110910231	0,237580791	0,025707393	0,11769629	0,255175476	0,023043391
260939_at	AT1G45180	0,118571183	0,177208346	-0,038445437	-0,427111599	0,439128751	0,253464334	0,800105509	0,011981676
260988_at	AT1G53570	0,110302949	0,575414721	1,267643721	1,342495614	0,396676272	0,000396555	5,61E-08	2,65E-08
261062_at	AT1G07530	0,273344309	0,939279706	1,887368838	2,385228148	0,008818945	3,67E-08	2,42E-12	8,36E-14

Tabela S4

Spot	Gene ID	WT_D3_WT_N0logFC	WT_D4_WT_N0logFC	WT_D5_WT_N0logFC	WT_D10_WT_N0logFC	WT_D3_WT_N0P.Value	WT_D4_WT_N0P.Value	WT_D5_WT_N0P.Value	WT_D10_WT_N0P.Value
261315_at	AT1G53170	0,117170927	0,291127934	0,599893105	0,513281665	0,214571118	0,005802041	8,59E-06	4,65E-05
261564_at	AT1G01720	0,819423935	1,214703089	2,433347745	2,893926625	6,24E-07	3,80E-09	2,18E-13	1,78E-14
261709_at	AT1G32790	-0,054539228	0,275745536	0,609747661	0,654157656	0,667627436	0,042925011	0,000202634	0,000102618
261792_at	AT1G15950	0,419874467	-0,514992334	-0,497103442	-0,392826675	0,001085759	0,000178201	0,000248638	0,001838925
261874_at	AT1G50640	-0,014511377	0,360587427	0,605668314	0,416892342	0,896688365	0,005134653	6,33E-05	0,001810339
262064_at	AT1G56070	0,184280764	0,127710223	0,004196926	0,213450377	0,061340878	0,181166467	0,963830015	0,033410553
262514_at	AT1G34190	0,206402651	0,565119988	0,782872732	0,886539999	0,088610366	0,000169341	5,41E-06	1,25E-06
262577_at	AT1G15290	1,135536628	-0,371810132	-0,530224683	0,227501492	3,45E-08	0,003964087	0,000217271	0,054752973
262913_at	AT1G59960	-0,239138434	-1,055919312	-1,492038969	-0,896047763	0,170285413	1,37E-05	2,27E-07	7,79E-05
263406_at	AT2G04160	0,419705705	1,541457919	1,978293036	0,743100231	0,027607621	2,33E-07	9,09E-09	0,00062125
263584_at	AT2G17040	-0,351409892	-0,166678845	-0,596806015	-0,2743951	0,004598585	0,134707095	4,78E-05	0,020093124
263716_at	AT2G20580	0,108298212	-0,030169306	-0,099906483	-0,081429071	0,234741884	0,734870835	0,271297241	0,366583122
263757_at	AT2G21430	0,039087477	0,334462232	0,15565805	-0,188429803	0,801649798	0,045146863	0,324809038	0,236847347
263845_at	AT2G37040	0,111904072	0,159600592	-0,187143269	-0,416976584	0,318095877	0,16156935	0,104846212	0,001618495
263924_at	AT2G36530	0,051104153	0,123181014	-0,080117713	-0,19694569	0,597075084	0,212800783	0,410530118	0,055182865
264006_at	AT2G22430	-0,064315306	-0,10665037	0,169715987	-0,10251898	0,567324281	0,347572456	0,143782346	0,366017549
264372_at	AT1G11840	0,010002788	0,484933625	0,32760797	0,330479322	0,924516344	0,000314307	0,006633548	0,006270963
264628_at	AT1G65540	0,090326032	-0,214442575	-0,373951116	-0,061464575	0,362192733	0,041539732	0,001484843	0,532067834
265718_at	AT2G03340	0,538135546	0,404934176	0,625957955	0,693707603	0,00192878	0,012779773	0,000561341	0,000221681
265817_at	AT2G18050	0,519197145	6,148339149	8,394247526	8,680944117	0,007354987	6,46E-16	6,79E-18	4,15E-18
266099_at	AT2G38040	0,441525935	0,199532137	0,079255804	0,32678615	0,00083931	0,078953206	0,465236835	0,007576916
266207_at	AT2G27680	-0,133471272	-0,312289461	-0,346024425	-0,173862166	0,268907381	0,017052832	0,009518388	0,155611984
266260_at	AT2G27600	-0,339261118	-0,428472121	-0,485727571	-0,735778758	0,005535868	0,000980234	0,000330512	4,41E-06
266284_at	AT2G29190	0,395469643	0,786123296	0,865820571	1,404258159	0,005967834	1,35E-05	4,52E-06	1,05E-08
266327_at	AT2G46680	0,90526579	3,689936443	5,742313646	5,341180049	0,003441317	5,39E-10	1,06E-12	2,97E-12
266743_at	AT2G02990	0,243504376	0,92060903	1,14806031	-0,750641154	0,073451304	2,95E-06	2,00E-07	2,91E-05
266849_at	AT2G25940	0,055782251	0,233262138	0,512900458	0,513627765	0,70790264	0,13137443	0,003215466	0,003183029
267078_at	AT2G40960	0,446696057	-0,375700793	-0,493148805	0,229261538	0,012311733	0,030212333	0,006760606	0,164418947
267104_at	AT2G41430	-0,831457371	0,350964141	0,841260699	0,81328951	2,65E-06	0,007375696	2,31E-06	3,43E-06
267141_at	AT2G38090	-0,231747523	0,915175883	0,957043362	0,11090032	0,051434452	5,56E-07	3,19E-07	0,326779593
267373_at	AT2G26280	0,035170386	-0,414061808	-0,216782656	0,43054855	0,738486845	0,001183364	0,05366084	0,000858863
267377_at	AT2G26250	-0,169853505	0,338648506	0,345922344	-0,359637191	0,084601234	0,002256539	0,001921455	0,001420151
267486_at	AT2G02800	-0,045418461	-0,1050332	-0,335336506	0,067612104	0,679013057	0,344697772	0,007192372	0,539342829
267490_at	AT2G19130	-0,399318149	-0,443091089	-0,390755094	-0,170282534	0,005246198	0,002528008	0,006050913	0,183588822
267509_at	AT2G45660	0,530504613	0,346904369	0,853057008	0,412800828	0,00135147	0,021292378	1,45E-05	0,007980199
267568_at	AT2G30780	0,09716818	0,896912093	0,702683248	0,881354467	0,514640637	1,96E-05	0,000231982	2,37E-05
267607_s_at	AT2G26740	-0,011002415	0,398577885	1,243988711	0,564248388	0,915330473	0,00141156	4,08E-09	5,96E-05